



## **UE2 – ED – BIOCHIMIE 2023-2024**

Acides aminés, peptides, protéines,  
enzymologie, métabolisme et  
lipides

**Correction des QCMs non traités en séance**

**Stéphanie Sentis & Clément Janot**

# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

1/ Parmi les affirmations ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s):

A- Tous les acides aminés ont un carbone asymétrique

Faux: la glycine est le seul acide aminé à ne pas avoir de carbone asymétrique

B- Tous les acides aminés ont une fonction amine primaire

Faux: la proline a une fonction amine secondaire

C- Le tryptophane a un noyau indole

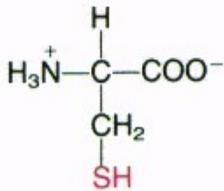
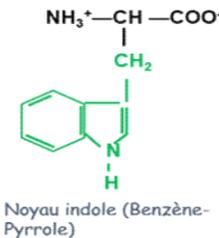
Vrai: noyau indole = noyau benzène + noyau pyrrole

D- La proline est un acide aminé aromatique

Faux: la proline n'est pas un acide aminé aromatique

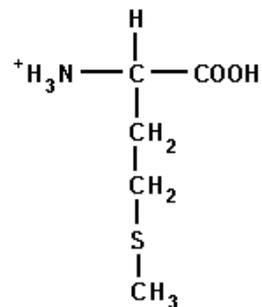
E- Tous les acides aminés ayant une liaison C-S sont hydrophobes

Faux: la méthionine est bien hydrophobe, mais la cystéine qui a un groupement thiol est hydrophile



C

HYROPHYLE



M

HYROPHOBE

Réponse C

# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

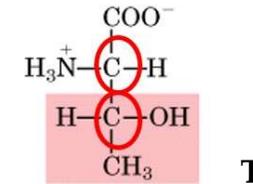
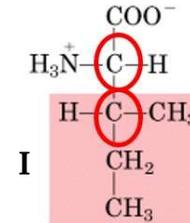
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

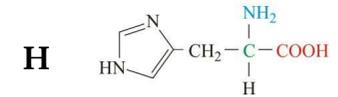
2/ Parmi les affirmations ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s):

**A- Mis à part la glycine, tous les acides aminés ont un seul carbone asymétrique**  
Faux, certains acides aminés ont 2 carbones asymétriques comme I et T



**B- H est un acide aminé cyclique et aromatique**

Faux, H n'est pas un acide aminé aromatique. C'est bien un acide aminé cyclique mais il a un noyau imidazole et non un cycle aromatique

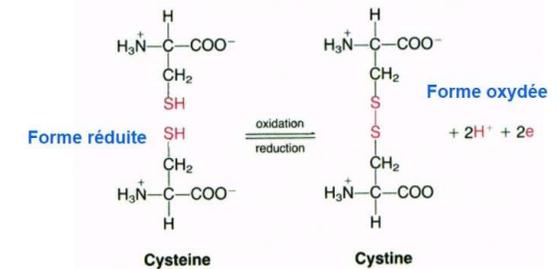


**C- Tous les acides aminés ayant un atome de soufre dans leur chaîne latérale ont la capacité de former des ponts disulfures**

Faux: la méthionine possède un atome soufre mais ne peut pas former de ponts disulfures

**D- Le pont disulfure qui relie deux cystines est une liaison covalente**

Faux: la cystine correspond à la forme oxydée de deux cystéines reliées entre elles par un pont disulfure. Il ne peut pas y avoir un pont disulfure entre 2 molécules de cystine



**E- Seuls les acides aminés H, T, M, I, L, K, F, R, V et W sont essentiels**

Vrai: Mets le dans la valise il fait trop d'histoires d'argent (Met, Leu, Val Lys Ile Phe Trp His Thr Arg)

ou « HoT MILK FoR VW »

Réponse E

## I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

3/ Parmi les affirmations ci-dessous concernant les acides aminés, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s):

A- Les 20 acides aminés naturels ont une fonction amine primaire et une fonction carboxylique portées par le même carbone

Faux, 1 seul acide aminé ne répond pas à cette règle: la proline qui a une fonction amine secondaire et non primaire portée par le C $\alpha$

B- A, V, L, et I portent des chaînes latérales apolaires ramifiées.

Faux, la chaîne latérale de l'alanine n'est pas ramifiée.

C- La méthionine possède une chaîne latérale non polaire

Vrai, le groupement thiol de la méthionine étant substitué par un groupement méthyl, il est non polaire

D- L'hydroxyproline fait partie des acides aminés résultant d'une modification post-traductionnelle

Vrai, L'hydroxyproline résulte d'une modification post-traductionnelle de la proline: son hydroxylation

Réponse C, D, E

E- Les acides aminés sont des composés ionisables

Vrai, les acides aminés sont des molécules amphotères car leur fonction carboxylique se comporte comme un acide faible et leur fonction amine se comporte comme une base faible

4/ Parmi les affirmations ci-dessous concernant l'histidine et le tryptophane, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s):

A- H produit de l'histamine par décarboxylation

Vrai, grâce à l'action de l'histidine décarboxylase

B- H et W sont tous deux des hétérocycles

Vrai, un hétérocycle est un cycle dans lequel au moins un des atomes du carbocycle est remplacé par un hétéroatome (O, N, P, S)

C- H et W absorbent dans l'UV à 280 nm

Faux, seul Trp absorbe dans l'UV à 280 nm

D- H et W ont 3 valeurs de pK

Faux, on a bien 3 valeurs de pK pour His mais uniquement 2 pour Trp

Réponse A,B

E- H et W sont des acides aminés aromatiques

Faux, seul Trp est un acide aminé aromatique

# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

5/ Parmi les affirmations ci-dessous concernant les acides aminés, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s) :

A- Le groupement hydroxyle de F peut former des liaisons hydrogènes

Faux: la Phe n'a pas de groupement hydroxyle

B- La polarité de S et de T est due à leur groupement thiol

Faux: la serine et la thréonine n'ont pas de groupement thiol mais une fonction alcool. Ce sont bien des acides aminés polaires par contre.

C- F et Y ne diffèrent que par le noyau de leur chaîne latérale qui sont respectivement phényl et phénol

Vrai

D- C et M portent des fonctions thiol

Faux, la cystéine a bien une fonction thiol (SH) mais la méthionine a une fonction sulfure ou thioether (S-CH<sub>3</sub>)

E- La formule de C ne diffère de celle de A que par la présence d'un atome de soufre

Vrai

Réponse C,E

6/ Parmi les affirmations ci-dessous concernant les acides aminés, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s) :

A- Lors d'une électrophorèse, lorsque le pH de l'électrophorèse est inférieur au pHi d'un acide aminé, ce dernier va migrer vers la cathode

Vrai, lorsque  $\text{pH} < \text{pHi}$ : acide aminé est chargé (+), c'est un cation qui migre vers la cathode

B- I, M et Q ont des chaînes latérales apolaires

Faux: I et M ont bien des chaînes latérales apolaires, mais Q a une chaîne latérale polaire

C- N et T sont des acides aminés à chaîne latérale hydrophile

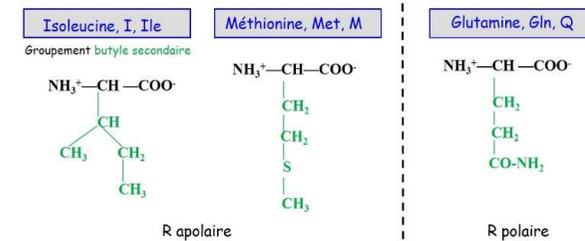
Vrai

D- S et T sont des acides aminés essentiels hydroxylés

Faux: S et T sont des acides aminés hydroxylés, mais ce ne sont pas des acides aminés essentiels (HoT MILK FoR VW)

E- F, W et Y sont tous les trois des acides aminés à chaîne latérale apolaire qui absorbent dans l'UV

Faux: ces trois acides aminés absorbent bien dans l'UV, cependant F et W ont bien une chaîne latérale apolaire mais Y a une chaîne latérale polaire



Réponse: A et C

**I-ACIDES  
AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

7/ Parmi les affirmations ci-dessous concernant les acides aminés, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s) :

A- V a dans sa chaîne latérale un groupement isopropyle

Vrai

B- L'histidine est le seul acide aminé dont la fonction amine portée par le carbone alpha est une fonction amine secondaire

Faux, l'histidine a une fonction amine primaire portée par le carbone alpha. C'est la proline qui est le seul acide aminé qui a une fonction amine secondaire portée par le carbone alpha.

C- Lors de la séparation des acides aminés sur une colonne échangeuse d'anions, les acides aminés sont élués selon leur ordre croissant de pH isoélectrique

Faux, sur une colonne échangeuse d'anions, les acides aminés seront élués selon leur ordre décroissant de pH isoélectrique

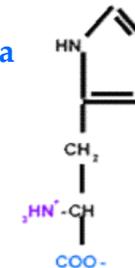
D- La leucine a un groupement isobutyle dans sa chaîne latérale

Vrai

E- Au pH physiologique, le groupement imidazole de H est ionisé

Faux, le  $pK_R$  de H = 6, donc à pH Physiologique (pH = 7,4), le groupement ionisable de sa chaîne latérale a perdu son proton et ne sera pas ionisé

Réponse: A et D



# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

8/ Parmi les propositions suivantes concernant les 3 formes ioniques de l'acide aminé ci-dessous, indiquer la (les) bonne(s) réponse(s)

A- A pH=1, la forme (2) est majoritaire par rapport à la forme (3)

Faux, à pH 1, c'est la forme (3) qui est majoritaire. Sont en équilibre à ce pH les formes (3) et (1)

B- A pH= pHi, la forme (2) est majoritaire par rapport à la forme (1)

Faux, au pHi par définition on a 100% de la forme zwitterion donc 100% de la forme (1) ici.

C- A pH = pHi, la forme (1) est majoritaire par rapport à la forme (3)

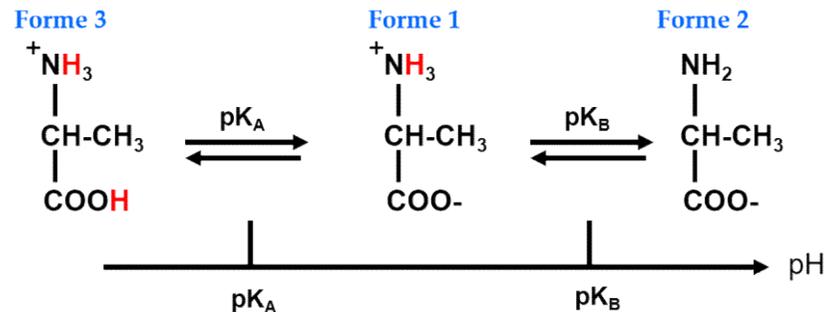
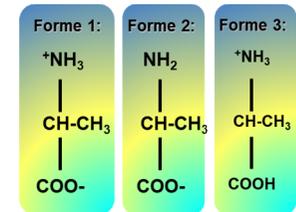
Vrai, pH = pHi on a 100% de la forme (1) donc elle sera bien majoritaire par rapport à la forme (3)

D- A pH=12, la forme (3) est majoritaire par rapport à la forme (2)

Faux, pH 12, c'est la forme (2) qui est majoritaire. A ce pH ce sont les formes (1) et (2) qui sont en équilibre

E- A pH = pKa, les formes (2) et (3) sont à des concentrations équivalentes

Faux, quand le pH = pKa, on a 50% de forme (3) et 50% de forme (1)



Réponse C

# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

9/ R présente les pK suivants:  $pK_A = 2$  ;  $pK_B = 9$  et  $pK_R = 13$ . Parmi les propositions suivantes concernant R, indiquer la (les) bonne(s) réponse(s)

A- A pH=1, cet acide aminé est chargé négativement

Faux: à pH=1, sa charge globale est de +2

B- Sa valeur de pHi = 11

Vrai:  $pHi(R) = (pK_B + pK_R)/2 = (9+13)/2 = 11$

C- Sur une colonne échangeuse de cations, si on sépare un mélange de R et de D, R sera élué en premier

Faux: R: pHi = 11 et D: pHi = 2,8. Ordre d'élué des AA sur une colonne échangeuse de cations: ordre croissant des pHi, D élué en premier

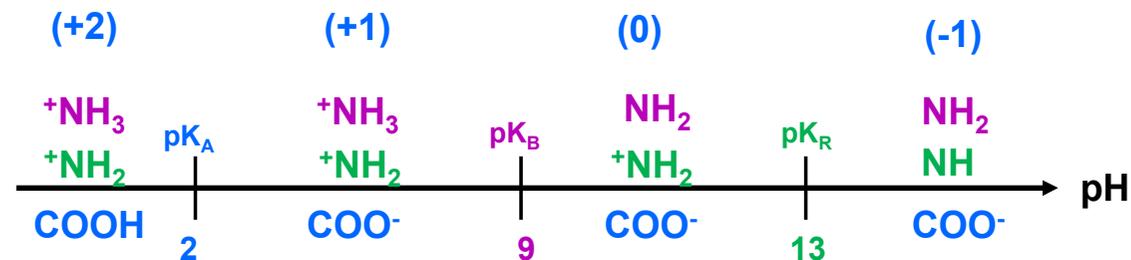
D- Sur une colonne échangeuse d'anion, si on sépare un mélange de R et de G, R sera élué en premier

Vrai, colonne échangeuse d'anions, ordre d'élué des AA: ordre décroissant des pHi. pHi (R) = 11 et pHi (G) = 6, R sera élué en premier

E- Cet acide aminé migre vers la cathode au cours d'une électrophorèse à pH 2

Vrai: à  $pH < pHi$ : AA chargé (+), c'est un cation qui migre vers la cathode (borne -).

Etats ionisation R au cours des variations de pH:



Réponse B,D,E

# I-ACIDES AMINES

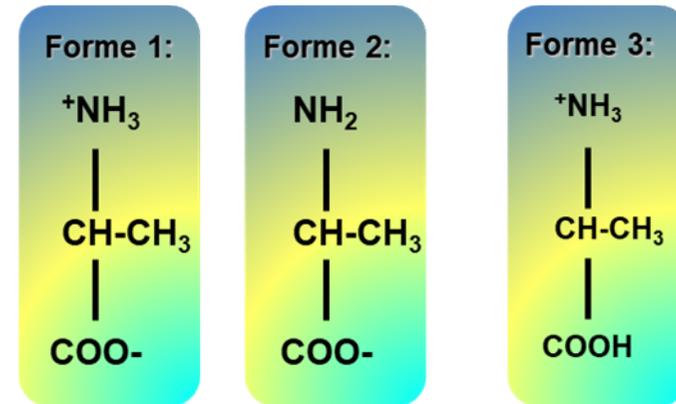
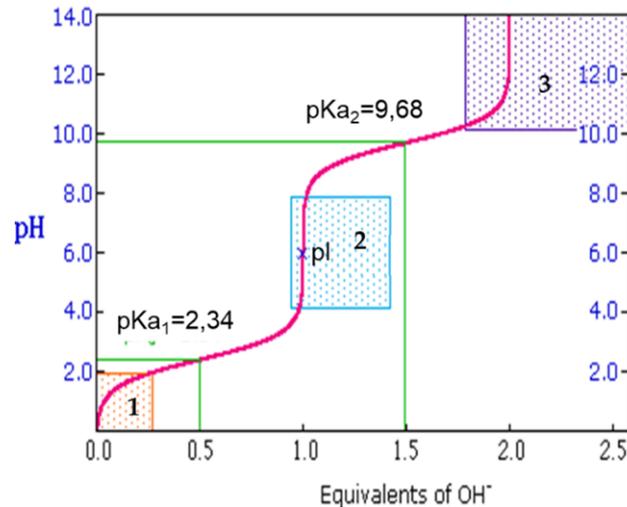
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

10/ Soit une courbe de titration et trois formes chargées d'un acide aminé. Parmi les propositions ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vrai(s)



A- La forme 1 est majoritairement présente dans l'encart 1 de la courbe de titration

Faux, c'est la forme 3 qui est majoritairement présente dans l'encart 1 (pH inférieur à son pKa<sub>1</sub>)

B- Les formes 2 et 3 sont présentes en quantité égale lorsque pH = pKa<sub>1</sub>

Faux, ce sont les formes 3 et 1 qui sont présentes en quantité égale quand pH = pKa<sub>1</sub>

C- La forme 1 est majoritairement présente à un pH = 6,1

Vrai

D- La forme 2 est majoritairement présente à un pH < 2

Faux c'est la forme 3 qui est majoritairement présente

E- Les formes 1 et 3 sont présentes en quantité égale lorsque pH = pKa<sub>2</sub>

Faux, ce sont les formes 1 et 2 qui sont présentes en quantité égale lorsque pH = pKa<sub>2</sub>

Réponse C

## I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

11/ Parmi les propositions ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vrai(s)

A- Les acides aminés ont des propriétés amphotères: au-dessous de leur  $pH_i$  ils ont une charge positive, au-dessus de leurs  $pH_i$  ils ont une charge négative

Vrai

B- Pour un acide aminé à chaîne latérale ionisable, le  $pH_i$  est la moyenne du  $pK_A$  et du  $pK_B$

Faux, pour un acide aminé à chaîne latérale ionisable, le  $pH_i$  ne correspond jamais à la moyenne du  $pK_A$  et du  $pK_B$

C- Pour un  $pH < pH_i$ , un acide aminé migre vers la cathode

Vrai, lorsque le  $pH < pH_i$ , l'acide aminé est chargé positivement et migre vers la borne négative qui est la cathode

D- Le  $pH_i$  de tous les acides aminés « neutres » est voisin de 7

Faux, les acides aminés « neutres » correspondent aux acides aminés à chaîne latérale non ionisable, leur  $pH_i$  correspond à la moyenne de leur  $pK_A$  et  $pK_B$ , et il est voisin de 6, non pas de 7.

E- A pH physiologique, le groupement  $\alpha$ -aminé est ionisé

Vrai, le pH physiologique est un  $pH = 7,4$ , à ce pH on est en dessous tous les  $pK_B$  des acides aminés, donc leur fonction amine portée par le carbone  $\alpha$  est sous forme de  $^+NH_3$

Réponse A,C,E

# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

13/ Sachant que H a pour valeur de pK:  $pK_A = 1,82$  ;  $pK_B = 9,17$  et  $pK_R = 6$

A- A pH = 1, H a majoritairement une charge globale de (+1)

Faux, à pH = 1, H a majoritairement une charge globale de (+2)

B- A pH = 6, H a majoritairement une charge globale de (0)

Faux, à pH = 6 on est à une valeur de  $pH = pK_R$  de H, donc on a 50% de forme ionique avec une charge globale de (+1) et 50% de forme ionique avec une charge globale de (0). Il n'y a pas une forme ionique majoritaire

C- Le pHi de H est de 7,6

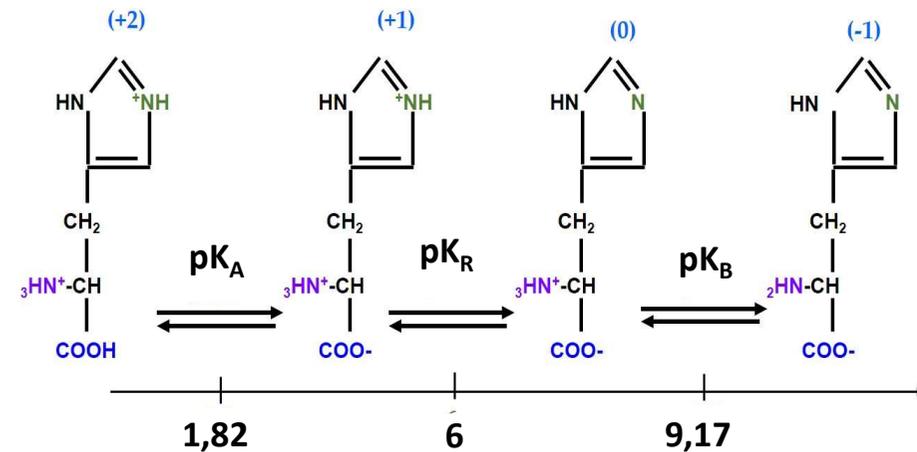
Vrai,  $pHi = (pK_R + pK_B)/2 = 7,6$

D- A pH = 12, H a une charge globale de (-2)

Faux, pH = 12, H a majoritairement une charge globale de (-1)

E- A  $pH = pK_A$ , les formes (+2) et (+1) de H sont à des concentrations équivalentes

Vrai, quand  $pH = pK_A$ , on a 50% de forme ionique de charge globale (+2) et 50% de forme ionique de charge globale (+1)



Réponse: C, E

# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

15/ Sachant que le  $pK_A$ , le  $pK_B$ , et le  $pK_R$  de K sont respectivement de 2,1 ; 9,8 et 10,5, indiquer parmi les propositions suivantes la (les) bonne(s) réponse(s):

A- Son pHi vaut 5,95

Faux

B- Son pHi vaut 7,47

Faux

C- Son pHi vaut 10,15

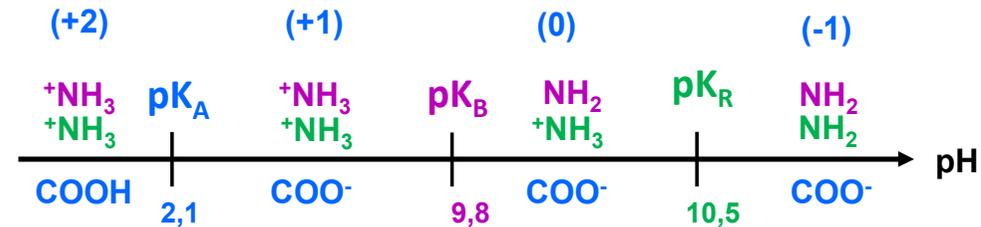
Vrai : le pHi est égal à la moyenne des pK de part et d'autre de la forme zwitterion.

D- A pH1, on a 50% de la fonction carboxylique sous forme  $COO^-$  et 50% des fonctions amines sous forme  $NH_3^+$ .

Faux, à pH1 la forme ionique majoritaire a une charge globale de (+2), 100% des fonctions amines sont sous forme  $+NH_3$  et moins de 50% des fonctions acides sont sous forme  $COO^-$

E- A pHi, la charge globale de K est nulle.

Vrai, par définition



$$\begin{aligned} pHi &= (pK_B + pK_R)/2 \\ &= 9,8 + 10,5 = 10,15 \end{aligned}$$

Réponse CE

**I-ACIDES  
AMINES**

II-PEPTIDES

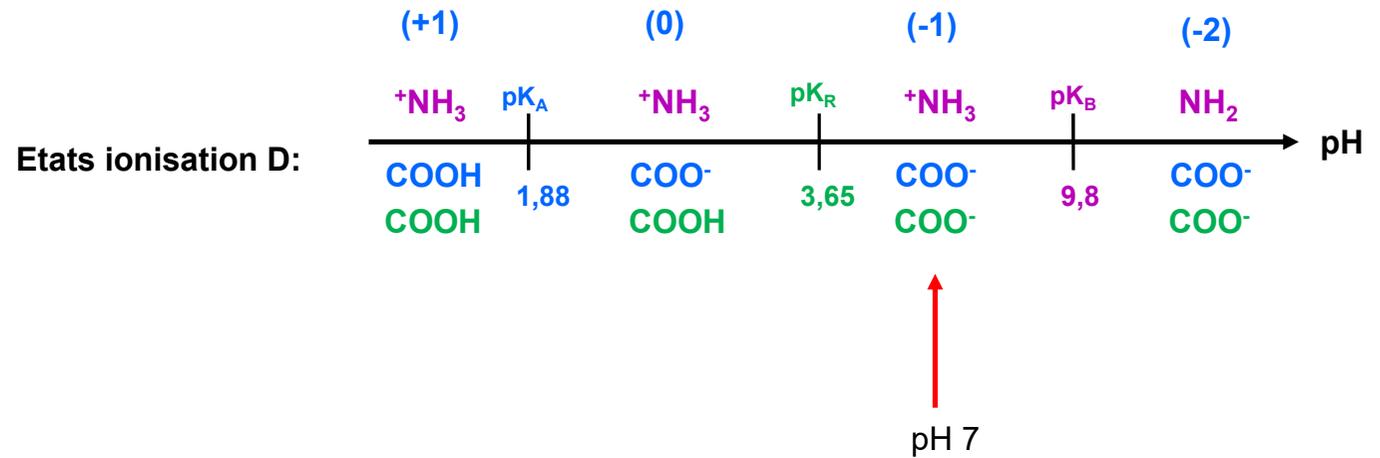
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

16/ Sachant que D possède 3 pK ( $pK_A = 1,88$  ;  $pK_B = 9,8$  ;  $pK_R = 3,65$ ), quel est son état d'ionisation prédominant à pH 7 ?

- A) +1
- B) 0
- C) -1
- D) -2
- E) +2



Réponse C : (-1)

**I-ACIDES AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

17/ Le mélange de 3 acides aminés E, K et G, est placé dans un tampon à pH =6. Parmi les propositions données, indiquer celle qui correspond à l'état d'ionisation des acides aminés.

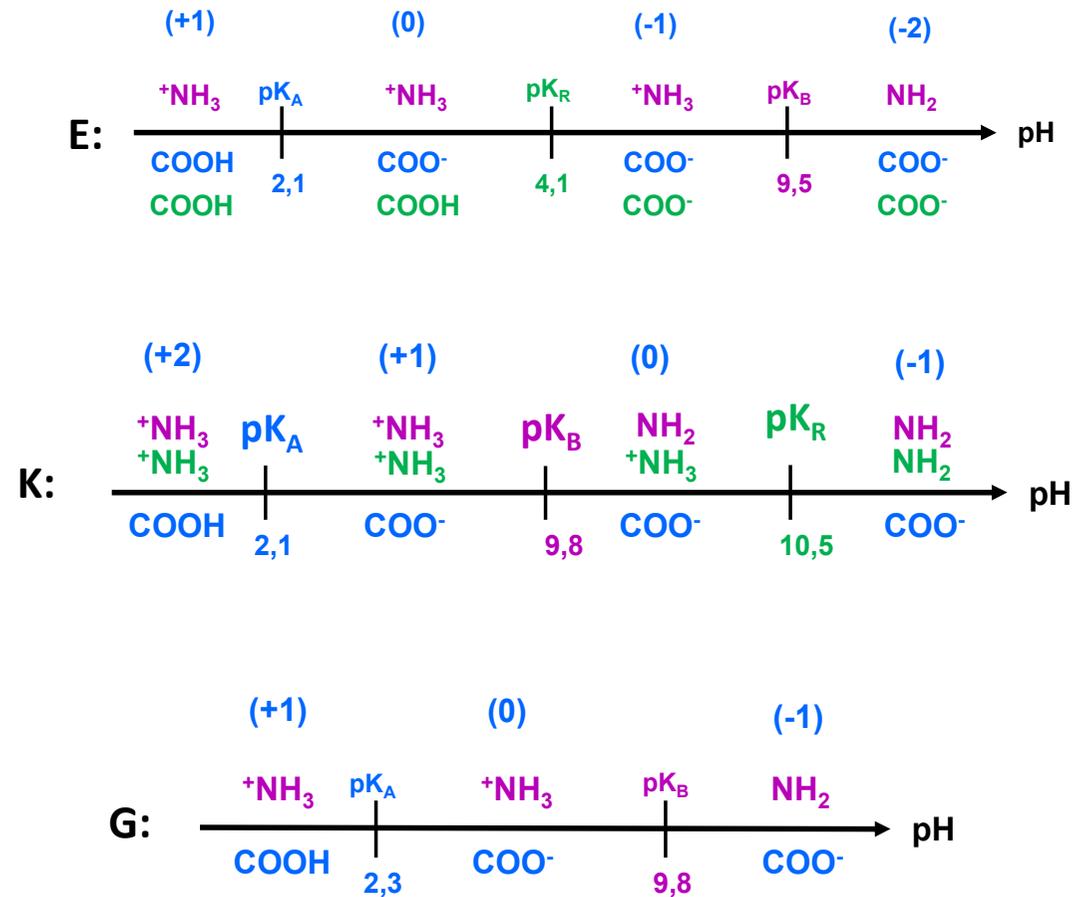
- A) E (-2) ; K (+1) ; G (-1)
- B) E (+1) ; K (-1) ; G (+1)
- C) E (-1) ; K (+2) ; G (-1)
- D) E (0) ; K (-1) ; G (-1)
- E) E (-1) ; K (+1) ; G (0)

pH = 6 → E charge (-1)

pH = 6 → K charge (+1)

pH = 6 → G charge (0)

**Réponse: E**



**I-ACIDES AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

18/ On utilise la technique de chromatographie sur couche mince pour séparer les 3 acides aminés: D, M, et V. Le solvant de migration utilisé est un solvant apolaire. Les résultats du chromatogramme sont présentés ci-dessous.

Parmi les propositions suivantes concernant les acides aminés, indiquer la (les) bonne(s) réponse(s):

A- Le Rf de l'acide aminé 1 est le plus faible des 3

Vrai, plus un acide aminé migre loin et plus son Rf est élevé

B- L'acide aminé 1 correspond à M, l'acide aminé 2 à V et le 3 à D

Faux. La séparation des molécules en CCM est basée sur le caractère plus ou moins polaire de la molécule à séparer. Plus une molécule est apolaire, et plus elle sera entraînée par le solvant. Si on classe par ordre croissant d'apolarité ces 3 acides aminés on aura: D, M et V.

C- L'acide aminé 1 correspond à D, l'acide aminé 2 à V et le 3 à M

Faux cf réponse B

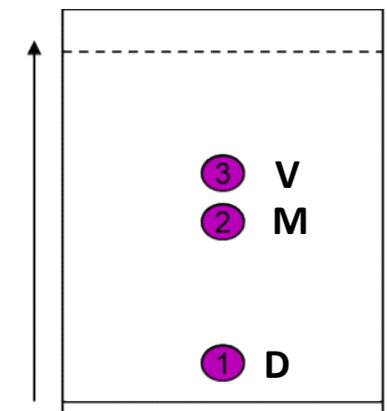
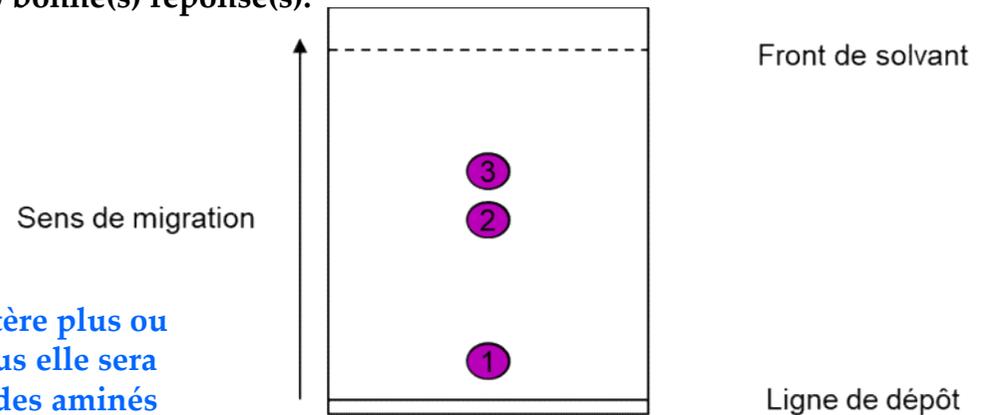
D- L'acide aminé 1 correspond à D, l'acide aminé 2 à M et le 3 à V

Vrai cf réponse B

E- La séparation des molécules en CCM est basée sur le caractère plus ou moins polaire de la molécule à séparer

Vrai

Réponse A,D,E



**I-ACIDES AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

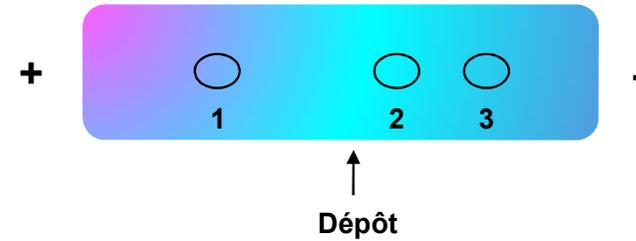
IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

19/ La séparation électrophorétique à pH 4 des acides aminés Val, Glu, Arg donne les 3 spots ci-dessous. Parmi les propositions données, indiquer celle qui correspond à l'ordre de migration

- A) 1 Val ; 2 Glu ; 3 Arg
- B) 1 Arg ; 2 Glu ; 3 Val
- C) 1 Arg ; 2 Val ; 3 Glu
- D) 1 Glu ; 2 Val ; 3 Arg
- E) 1 Glu ; 2 Arg ; 3 Val

Réponse D



Val: AA neutre

pHi voisin de 6

pH 4: en dessous pHi

AA chargé (+): migre vers cathode

Arg: AA basique

pHi =11

pH4: en dessous pHi

AA chargé (+): migration cathode

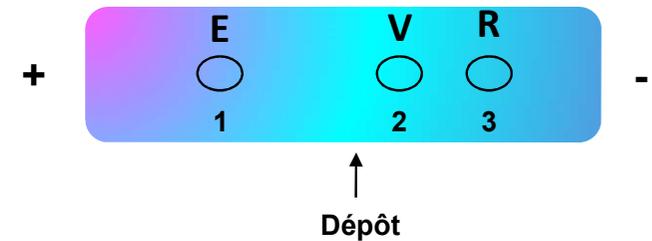
Glu: AA acide

pH 4 au dessus son pHi

AA chargé (-): migration anode (borne (+))

$pHi R > pHi V \rightarrow$  Charge (+) R > charge (+) V

R migre le plus loin vers la cathode que V



## I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

20/ La séparation électrophorétique des acides aminés D, K et V est réalisée à  $\text{pH} = 1$  après dépôt de ces acides aminés au niveau de l'anode. Parmi les affirmations ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s)

**A- Ces trois acides aminés vont tous migrer vers la cathode**

Vrai,  $\text{pH} = 1$  est inférieur au  $\text{pH}_i$  de ces trois acides aminés, ils sont tous les trois chargés

(+), ils migrent donc vers la cathode qui est la borne (-)

**B- Seul D va migrer vers la cathode**

Faux

**C- Seul K va migrer vers la cathode**

Faux

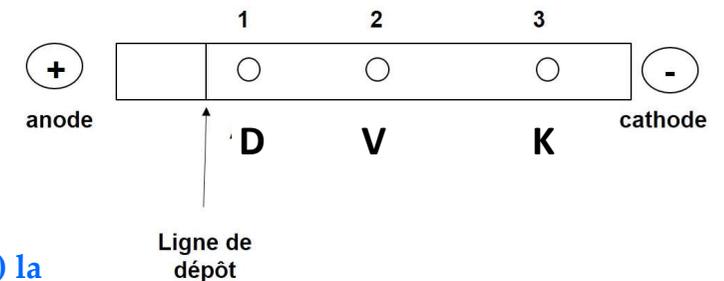
**D- Parmi ces trois acides aminés, D est celui qui va migrer le plus loin vers la cathode**

Faux, D est l'acide aminé qui a le plus petit  $\text{pH}_i$ , donc c'est celui qui aura la charge (+) la plus faible des trois, c'est celui qui migrera le moins loin vers la cathode

**E- Parmi ces trois acides aminés, K est celui qui va migrer le plus loin vers la cathode**

Faux, le  $\text{pH}_i$  de K est  $>$   $\text{pH}_i$  des deux autres acides aminés, donc sa charge positive sera la plus forte, c'est donc celui qui migrera le plus loin vers la cathode, mais non vers le pôle positif, qui correspond à l'anode.

Résultat électrophorèse:



**Réponse: A**

# I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

21/ La séparation électrophorétique des acides aminés A, E et K est réalisée. Parmi les affirmations ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vraie(s)

A- Si l'électrophorèse est réalisée à pH = 1, E est l'acide aminé qui migrera le plus loin vers la cathode

Faux, à pH = 1, E migrera bien vers la cathode (car  $\text{pH} < \text{pHi E}$ , donc chargé (+)), mais c'est l'acide aminé qui migrera le moins loin vers la cathode. E étant celui qui a le pHi le plus faible des trois, sa charge (+) sera également la plus faible, donc c'est celui qui migrera le moins loin

B- Si l'électrophorèse est réalisée à pH = 6, A est l'acide aminé qui migrera le plus loin vers la cathode

Faux, pH = 6 c'est la valeur du pHi de A. donc à pH = 6, A ne migrera pas, il restera à l'endroit du dépôt

C- Si l'électrophorèse est réalisée à pH = 6, E va migrer vers l'anode

Vrai.  $\text{pH} = 6 > \text{pHi E}$ , donc E chargé (-), il migrera vers l'anode qui est la borne (+) de l'électrophorèse

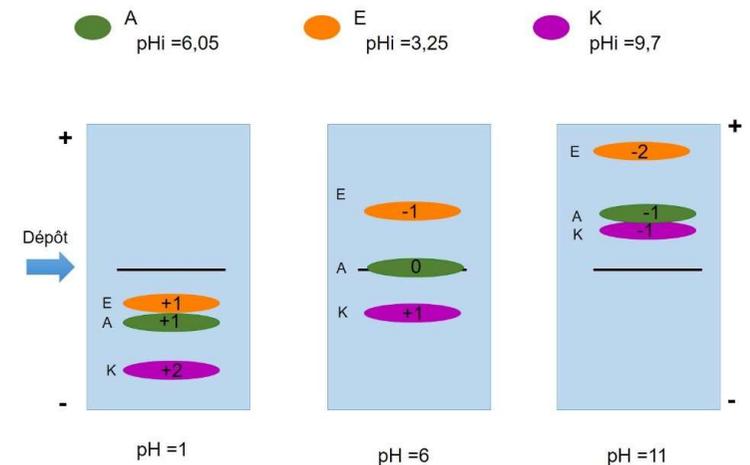
D- Si l'électrophorèse est réalisée à pH = 11, K va migrer vers l'anode

Vrai,  $\text{pH} = 11 > \text{pHi K}$ , donc K chargé (-), il migrera vers l'anode qui est la borne (+) de l'électrophorèse)

E- Si l'électrophorèse est réalisée à pH = 11, E est l'acide aminé qui migrera le plus loin vers l'anode

Vrai,  $\text{pH} = 11 > \text{pHi E}$ , donc E chargé (-), il migrera vers l'anode. E étant l'acide aminé qui a le pHi le plus faible, à pH = 11 c'est celui qui aura la charge (-) la plus forte, donc c'est celui qui migrera le plus loin vers l'anode.

## Résultats de l'électrophorèse de A, E et K à pH 1, 6 et 11:



Réponse: C, D, E

## I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

22/ Concernant la chromatographie d'échange d'anions, indiquez quelle(s) est (sont) la (les) proposition(s) exacte(s)

A- La résine porte des charges négatives

Faux. Echange d'anions: donc permet de séparer les anions, molécules chargées négativement. Donc la résine porte des charges opposées aux molécules qu'elle sépare. Donc elle sera chargée positivement.

B- La résine porte des charges positives

Vrai, cf réponse A

C- La séparation complète d'un mélange d'acides aminés fait intervenir un éluant de pH constant par rapport au temps

Faux, il faut que l'on ait un gradient de pH pour séparer complètement un mélange d'acides aminés et éluer les acides aminés. Les acides aminés seront élués lorsque le pH de la solution d'élution est égale à leur  $pH_i$ . Sur une colonne échangeuse d'anions, on fera passer un gradient de pH décroissant (pH basique vers pH acide)

D- Elle peut permettre la séparation de V et de K

Vrai. Pour pouvoir séparer 2 acides aminés, il faut que les acides aminés aient des  $pH_i$  très différents et qu'ils ne commencent pas à perdre leur charge globale (-) sur des valeurs de pH communes.

Lys commencera à être majoritairement sous forme de zwitterion pour des valeurs de pH inférieures à son  $pK_R$  (10,5) et sera complètement élué de la colonne lorsque  $pH = pH_i$  soit vers 10,15

Val commencera à être majoritairement sous forme zwitterion pour des valeurs de pH inférieures à son  $pK_B$  (9,8). A ce pH là, Lys sera déjà complètement élué. Val sera complètement élué lorsque  $pH = pH_i$  soit autour de 6

E- Elle retient les acides aminés sous forme de cations à  $pH=13$

Faux, à  $pH=13$ , les acides aminés sont chargés négativement et seront retenus sous forme d'anions

Réponse B,D

## I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

23/ On décide de séparer 3 acides aminés: Ala, Asp et Lys sur une colonne échangeuse de cations. Parmi les affirmations ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vrai(s)

A- D sera élué en 1<sup>er</sup>

Vrai : colonne échangeuse de cations donc ordre élution: du pHi le plus faible vers le pHi le plus élevé : Elution: Asp (pHi 2,8), Ala (pHi 6,05), Lys (pHi 10,15).

B- K sera élué à pH = 9

Faux : élué lorsque  $\text{pH} \geq \text{pHi}$  donc  $\text{pH} \geq 10,15$

C- K sera élué en 1<sup>er</sup>

Faux

D- A sera élué en 1<sup>er</sup>

Faux

E- A sera élué à partir de valeurs de pH = 9

Faux : A élué à partir d'un  $\text{pH} > \text{pK}_A$  donc  $\text{pH} > 2,3$  et complètement élué lorsque  $\text{pH} = 6,05$

Réponse A

$$\begin{aligned}\text{pHi de Ala} &= (\text{pK}_A + \text{pK}_B)/2 \\ \text{pHi de Ala} &= (2,3 + 9,8)/2 \\ \text{pHi de Ala} &= 6,05\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{pHi de Asp} &= (\text{pK}_A + \text{pK}_R)/2 \\ \text{pHi de Asp} &= (1,9 + 3,7)/2 \\ \text{pHi de Asp} &= 2,8\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{pHi de Lys} &= (\text{pK}_B + \text{pK}_R)/2 \\ \text{pHi de Lys} &= (9,8 + 10,5)/2 \\ \text{pHi de Lys} &= 10,15\end{aligned}$$

**I-ACIDES AMINES**

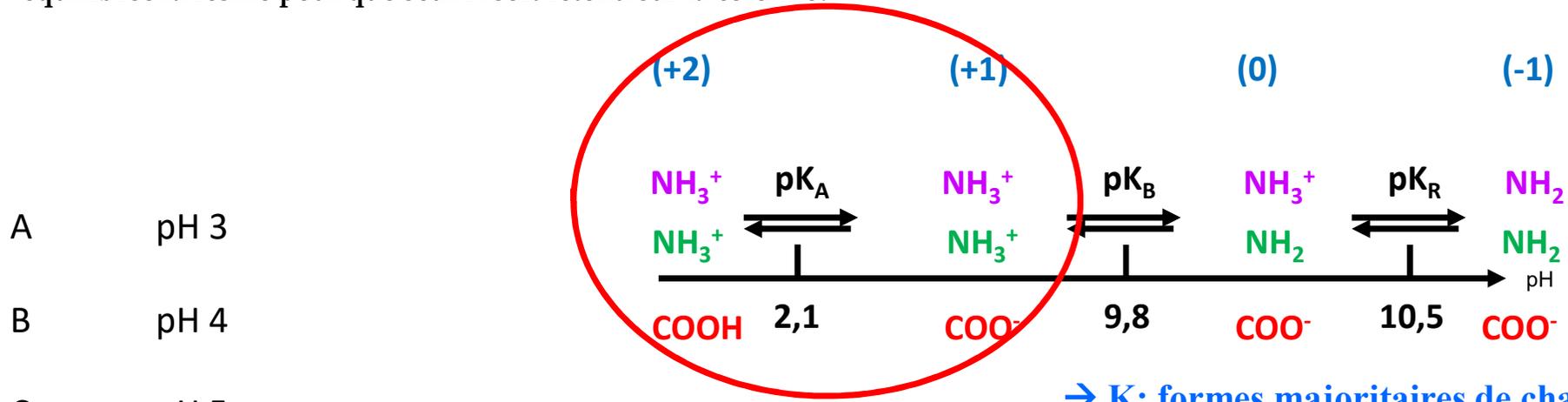
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

24/ Un mélange d'acides aminés contenant K, A et D est déposé sur une colonne échangeuse de cations. A quel pH devra être équilibrée la résine pour que seul K soit retenu sur la colonne?



- A pH 3
- B pH 4
- C pH 5
- D pH 7**
- E pH 10

→ K: formes majoritaires de charge globale (+) pour toute valeur de pH < 9,8 → sera retenu sur la colonne

$$\begin{aligned}
 \text{pHi A} &= (\text{pK}_A + \text{pK}_B) / 2 \\
 &= (2,3 + 9,8) / 2 \\
 &= 6,05
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 \text{pHi D} &= (\text{pK}_A + \text{pK}_R) / 2 \\
 &= (1,9 + 3,7) / 2 \\
 &= 2,8
 \end{aligned}$$

→ A et D : non retenu donc pH doit être > pHi  
Donc pH > 6.05 > 2.8

**Réponse D**

**I-ACIDES  
AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

25/ Les acides aminés Val, Glu et Arg sont séparés sur une colonne échangeuse de cations à pH 2. On réalise l'éluion par un gradient de pH de 2 à 7. Parmi les propositions données, indiquer celle qui correspond à l'ordre d'éluion

A- 1 V ; 2 E ; 3 R

B- 1 R ; 2 E

C- 1 R ; 2 V

D- 1 E ; 2 V

E- 1 E ; 2 R ; 3 V

Colonne échangeuse de cations: retiens AA chargés (+)  
pH = 2 < pHi des 3 acides aminés → V (+), E (+), R (+)  
Eluion selon ordre croissant des pHi avec gradient pH de 2 à 7



Eluion de E (pHi 3,1) puis de V (pHi 6,05)  
R reste accroché sur la colonne car pHi = 11 et le gradient de pH s'arrête à 7.

**Réponse D**

$$\begin{aligned} \text{pHi de V} &= (\text{pK}_A + \text{pK}_B)/2 \\ \text{pHi de V} &= (2,3 + 9,8)/2 \\ \text{pHi de V} &= 6,05 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{pHi de E} &= (\text{pK}_A + \text{pK}_R)/2 \\ \text{pHi de E} &= (2,1 + 4,1)/2 \\ \text{pHi de E} &= 3,1 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{pHi de R} &= (\text{pK}_B + \text{pK}_R)/2 \\ \text{pHi de R} &= (9 + 13)/2 \\ \text{pHi de R} &= 11 \end{aligned}$$

## I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

26/ On décide de séparer 7 acides aminés: A, C, E, I, K, H et D sur une résine échangeuse de cations. Ces acides aminés sont déposés à pH=5,5  
Parmi les affirmations ci-dessous, indiquer celle(s) qui est (sont) vrai(s)

A- La résine est chargée négativement

Vrai

B- La résine est chargée positivement

Faux

C- Après passage des 7 acides aminés sur cette résine échangeuse d'ions, seuls K et H restent fixés sur la colonne

Faux ce ne sont pas les seuls à rester fixer sur la colonne

D- Après passage des 7 acides aminés sur cette résine échangeuse d'ions, seuls K, H, A et I restent fixés sur la colonne

Vrai

E- Après passage des 7 acides aminés sur cette résine échangeuse d'ions, seuls D, E et C restent fixés sur la colonne

Faux

Réponse AD

Echangeuse de cations: sépare les cations, molécules chargées positivement, d'un mélange

Phase stationnaire: charge opposée aux molécules à séparer, donc chargée (-)

AA déposés à pH = 5,5: seuls les AA chargés positivement à ce pH seront retenus. Donc seuls les acides aminés qui ont un pHi < 5,5 ne s'accrocheront pas à la colonne. Tous ceux qui ont un pHi > 5,5 resteront accrochés sur la colonne

pHi D = 2,8

pHi E: 3,1

pHi C: 5,11



Non retenus



Tous les acides aminés qui ont un pHi < 5,5 ne s'accrocheront pas à la colonne.

Tous les acides aminés qui ont un pHi > 5,5 resteront accrochés sur la colonne

pHi A et I = 6,05

Phi H = 7,5

pHi K = 10,15



Retenus

**I-ACIDES AMINES**

II-PEPTIDES

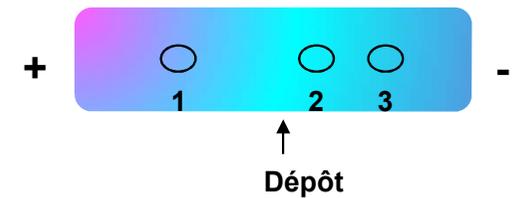
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

27/ La séparation électrophorétique à pH 5,2 des acides aminés H, V et D donne les 3 spots ci-dessous. Parmi les propositions données, indiquer celle qui correspond à l'ordre de migration ;

- A) 1 H ; 2 V ; 3 D
- B) 1 D ; 2 V ; 3 H
- C) 1 D ; 2 H ; 3 V
- D) 1 H ; 2 D ; 3 V
- E) 1 V ; 2 D ; 3 H



His:  
pHi = 7,6  
pH électrophorèse < pHi

Chargé (+), migration vers la cathode

Val: AA neutre  
pHi = 6  
pH électrophorèse < pHi

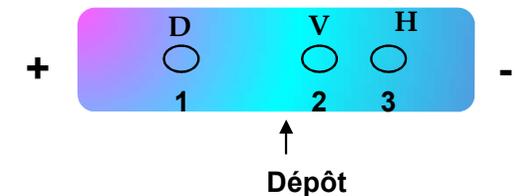
Chargé (+), migration vers cathode  
pHi Val < pHi His

Asp: AA acide  
pHi = 2,77  
pH électrophorèse > pHi  
Chargé (-), migration vers anode

Réponse B

pHi H > pHi V, La charge (+) de H est plus forte que celle de V

H migre plus loin vers la cathode (borne négative) que V



**I-ACIDES AMINES**

II-PEPTIDES

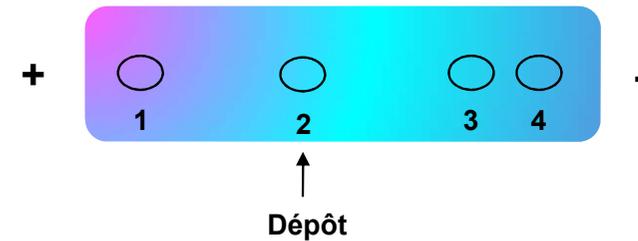
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

28/ On décide de séparer par électrophorèse, 4 acides aminés: R, E, H et V à pH=6. Le résultat de la séparation électrophorétique est représentée ci-dessous. Parmi les propositions données, indiquer celle qui correspond à l'ordre de migration

- A- 1E, 2V, 3R, 4H
- B- 1E, 2V, 3H, 4R
- C- 1H, 2V, 3E, 4R
- D- 1V, 2R, 3E, 4H
- E- 1R, 2H, 2V, 4E

**Réponse B**

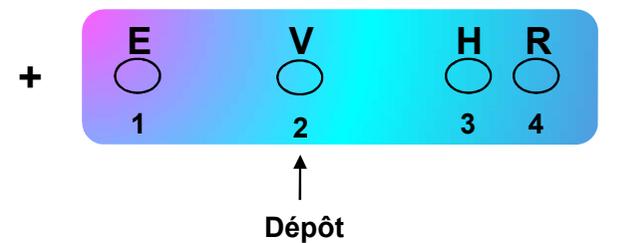


Electrophorèse à pH = 6

pHi V = 6 → pas de migration, position (2)

pHi E = 3,1 → chargé (-), migration vers l'anode, position (1)

pHi H = 7,5 et pHi R = 11 → chargés (+), migration vers la cathode – pHi R > pHi H, charge (+) R plus forte que celle de (H), R migre le plus loin vers la cathode, R position (4) et H position (3)



I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

30/ On vous donne ci-dessous la séquence d'un peptide. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vrai(s)

A) Ce peptide est un oligopeptide

Vrai, un oligopeptide contient moins de 10 acides aminés, ici on en a 4

B) Ce peptide peut être phosphorylé

Vrai, sur le 2<sup>ème</sup> acide aminé

C) Ce peptide peut établir un pont disulfure

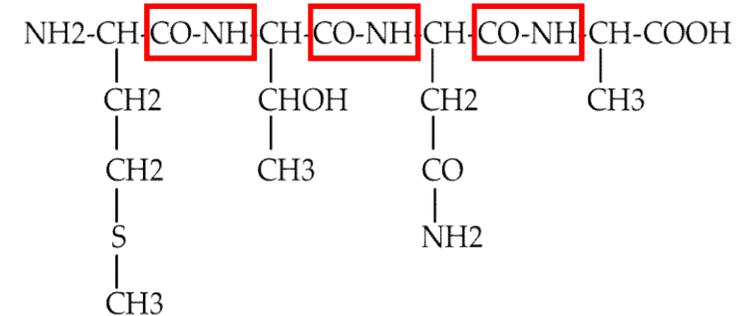
Faux, on n'a pas de résidu Cys

D) Ce peptide contient un acide aminé basique

Faux, il n'y a pas de K, R ou H

E) Ce peptide contient un seul acide aminé essentiel

Faux, il en contient 2: Met et Thr



Réponse A,B

31/ L'utilisation de  $\beta$ -mercaptoéthanol sur un composé peptidique X lui fait perdre son activité biologique. Parmi les propositions suivantes, donner la (les) bonne(s) réponse(s)

A- La perte d'activité est liée à la rupture d'une ou plusieurs liaisons covalentes

Vrai, le  $\beta$ -mercaptoéthanol est un composé chimique qui a la particularité de rompre les ponts disulfures, qui sont des liaisons covalentes. Suite à la coupure de ces liaisons covalentes, le peptide perd sa structure tridimensionnelle et donc son activité biologique.

B- La perte d'activité est liée à la modification de la structure primaire du composé

Faux, suite à l'action du  $\beta$ -mercaptoéthanol, la structure primaire (enchaînement des acides aminés) reste inchangé. Ce qui est modifié, c'est sa structure tertiaire ou quaternaire

C- Le (les) pont(s) disulfure(s) est (sont) indispensable(s) à l'activité de X

Vrai, cf A

D- Le composant X est obligatoirement constitué de deux ou plusieurs chaînes polypeptidiques reliées par un ou plusieurs pont(s) disulfure(s)

Faux, il peut y avoir des ponts disulfures on sein d'une même chaîne polypeptidique.

E- il peut exister un pont disulfure intracaténaire indispensable à l'activité de X

Vrai, cf D

Réponse: A, C, E

I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

32/ On vous donne ci-dessous la séquence d'un peptide. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vrai(s)

A) Ce peptide contient une liaison isopeptidique

Vrai

B) Son nom systématique est Aspartyl-Cysteinyl-Glycine

Faux, il s'agit du  $\gamma$ -GlutamylCysteinylGlycine, c'est le Glutathion

C) Ce peptide peut former un pont disulfure

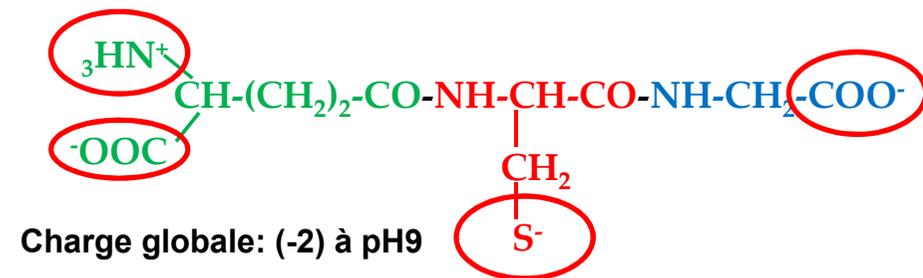
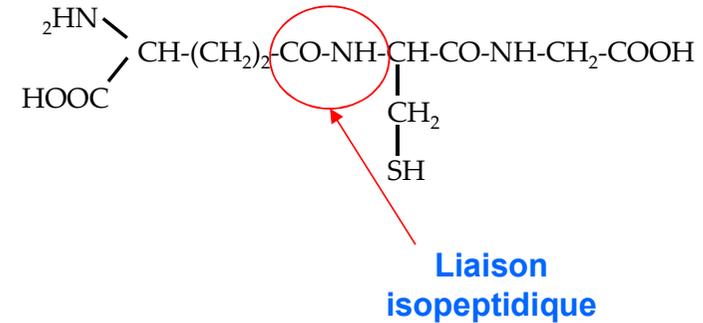
Vrai, car il y a un résidu cystéine. Il peut donc y avoir formation d'un pont disulfure intercaténaire entre 2 chaînes polypeptidiques de glutathion

D) Ce peptide est sous forme réduite

Vrai, pour les peptides pouvant établir un pont disulfure, la forme réduite correspond à la forme n'ayant pas établi de pont disulfure. L'établissement de ponts disulfures conduit à une forme oxydée

E) Au cours d'une électrophorèse à pH 9, ce peptide migrera vers l'anode

Vrai, à pH9 la charge globale de ce peptide est de (-2), migration vers l'anode. Ce peptide a 4 groupements ionisables. A pH9, on est au-dessus des valeurs de  $pK_A$  de Glu et de Gly, les 2 fonctions carboxyliques seront sous forme de  $COO^-$ , on est au dessus de la valeur de  $pK_R$  de Cys, la fonction thiol est sous forme de  $S^-$ , et on est en dessous la valeur de  $pK_B$  de Glu, la fonction amine est sous forme de  $+NH_3$



Réponse A,C,D,E

I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

34/ On vous donne ci-dessous la séquence d'un peptide. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vrai(s)

A) Il s'agit d'un térapeptide

Faux, c'est un tripeptide

B) Ce peptide est sensible à l'action du  $\beta$  mercaptoéthanol

Faux, ce peptide est sous forme réduite et non oxydée, donc il n'est pas sensible au  $\beta$  mercaptoéthanol. Ce composé chimique rompt les ponts disulfures et ici il n'y a pas de pont disulfure

C) A pH physiologique son état d'ionisation comprend 2 charges (+) et 1 charge (-)

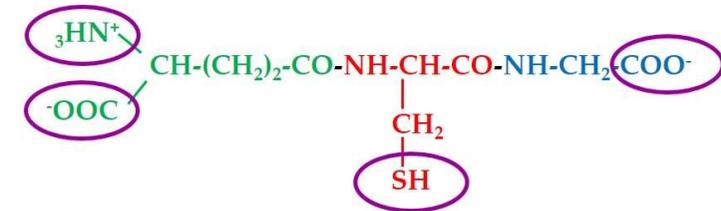
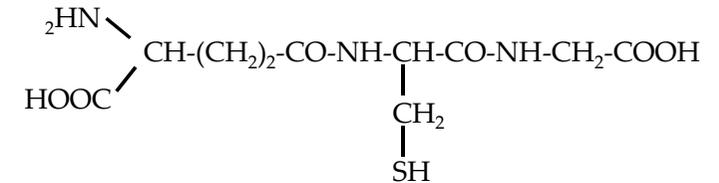
Faux. Le pH physiologique est un pH =7,4. Ce peptide a 4 groupements ionisables. A pH 7,4 on est au dessus des valeurs de  $pK_A$  de Glu et Gly, donc les 2 fonctions carboxyliques sont sous forme de  $COO^-$ . A pH 7,4 on est en dessous de la valeur de  $pK_R$  de Cys, la fonction thiol est sous forme de SH, et en dessous de la valeur de  $pK_B$  de Glu, la fonction amine est sous forme de  $^+NH_3$ . A pH physiologique, ce peptide a 2 charges négatives et une charge positive.

D) Ce peptide peut établir un pont disulfure

Vrai, car il y a un résidu cystéine. Il peut donc y avoir formation d'un pont disulfure intercaténaire entre 2 chaines polypeptidiques de glutathion

E) L'action d'une carboxypeptidase sur ce peptide libèrera une molécule de dioxyde de carbone

Faux, les carboxypeptidases clivent la liaison peptidique entre l'avant dernier et le dernier résidu peptidique. Les enzymes qui permettent de libérer du  $CO_2$  sont les décarboxylases



Réponse D

I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

35/ Soit le peptide K-V-G-E-G. Quelle est sa valeur de pHi?

$pK_A = 2,3$

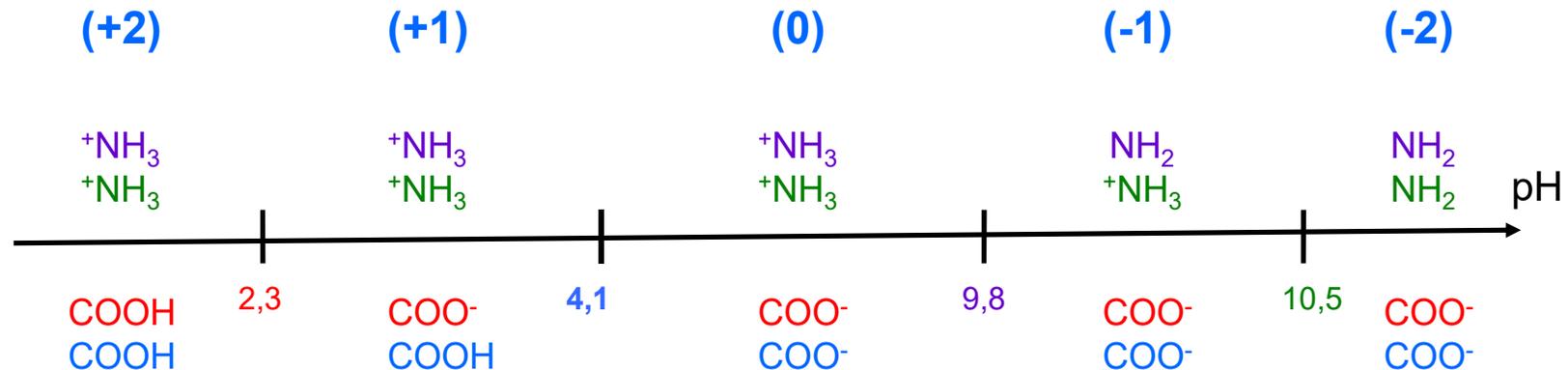
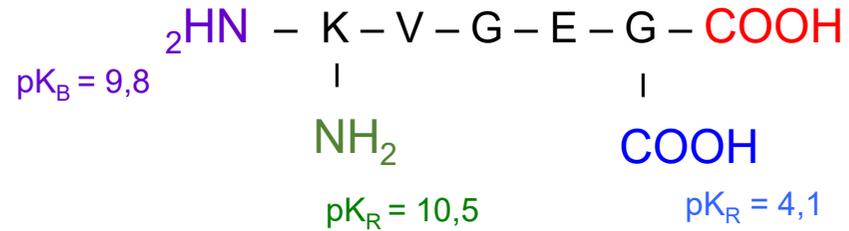
A) 6,4

B) 6,95

C) 6,05

D) 6,8

E) 7,2



$$\begin{aligned} pHi &= (pK_R (E) + pK_B (K))/2 \\ pHi &= (4,1 + 9,8)/2 \\ pHi &= 6,95 \end{aligned}$$

**Réponse B**

I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

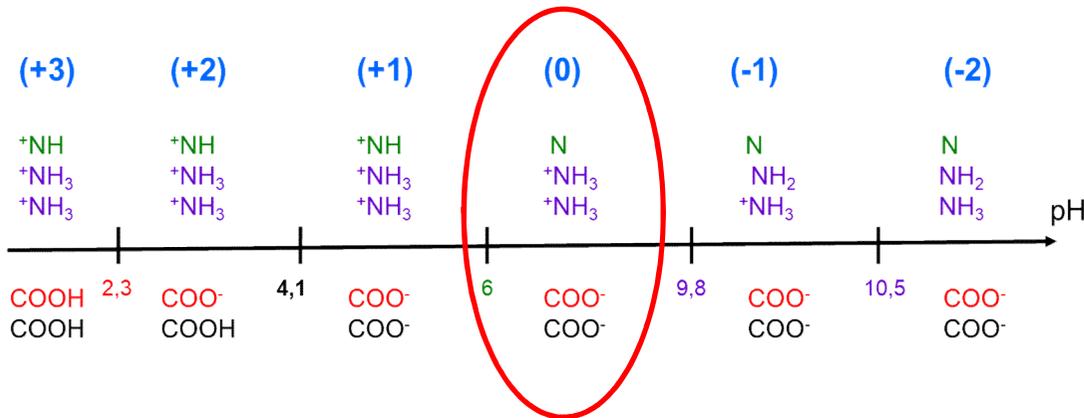
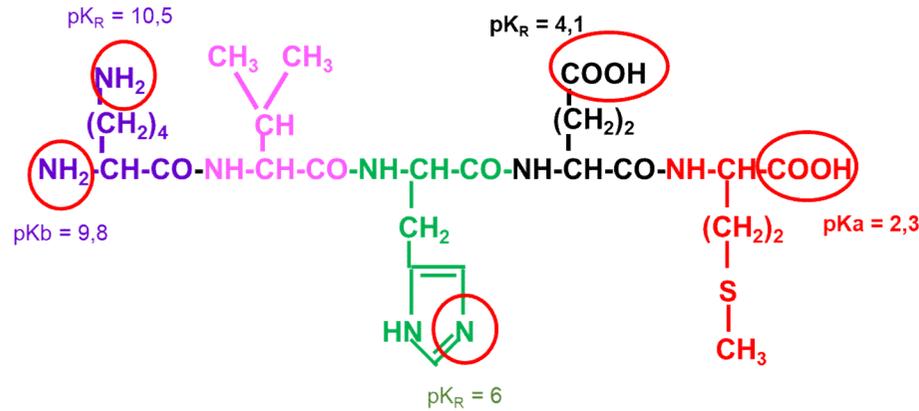
IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

36/ On se propose de déterminer la charge globale du peptide KVHEM à pH 7. Parmi les propositions ci-dessous, indiquer la bonne réponse

Lys-Val-His-Glu-Met

- A) (-1)
- B) (0)
- C) (-2)
- D) (+1)
- E) (+2)



Réponse B

I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

37/ Soit les oligopeptides suivants: X: AGSVL; Y: QKVAK; Z: KYIKG. Indiquer la (les) bonne(s) réponse(s) parmi les propositions suivantes

A- La charge globale des peptides X et Y est négative à pH=1

Faux, la charge globale des peptides X et Y est positive à pH = 1

B- Les oligopeptides Y et Z contiennent des résidus d'acides aminés acides

Faux, les oligopeptides Y et Z ne contiennent pas des résidus d'acides aminés acides

C- L'action de la trypsine sur l'oligopeptide Y est responsable de la coupure de deux liaisons peptidiques

Faux, la trypsine clive les liaisons peptidiques derrière R ou K, sauf s'il y a une proline. Suite à l'action de la trypsine sur le peptide Y, on aura la coupure d'une seule liaison peptidique

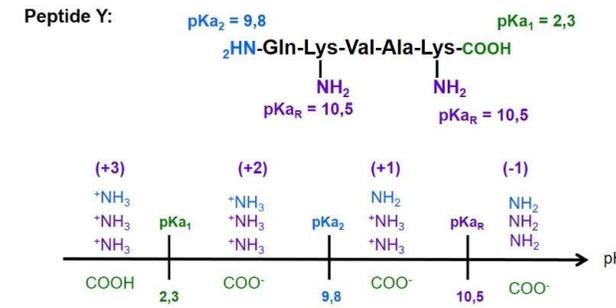
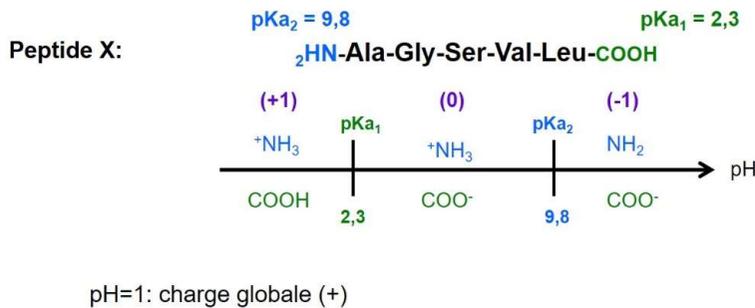
D- L'hydrolyse acide de l'oligopeptide Z libère 3 acides aminés différents

Faux, l'hydrolyse acide clive toutes les liaisons peptidiques. Suite à une hydrolyse acide sur le peptide Z, on va libérer 4 acides aminés différents

E- Les oligopeptides Y et Z migrent vers l'anode à pH=13

Vrai. A pH = 13, les peptides Y et Z sont chargés négativement, ils vont bien migrer vers l'anode

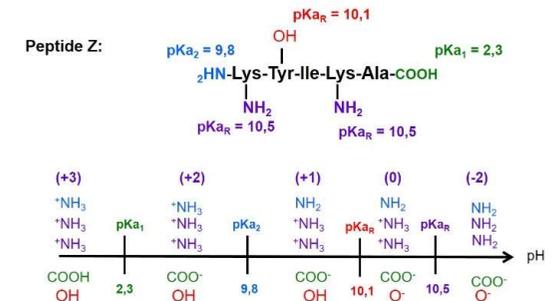
**Réponse E**



pH=1: charge globale (+3)

pH=13: charge globale (-1)

Migration peptide Y vers anode



Hydrolyse acide:



4 Acides aminés différents

pH=13: charge globale (-2)

Migration peptide Z vers anode

I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

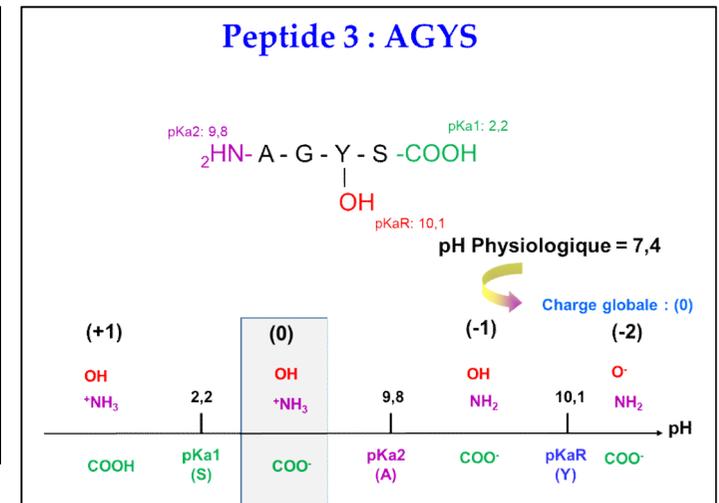
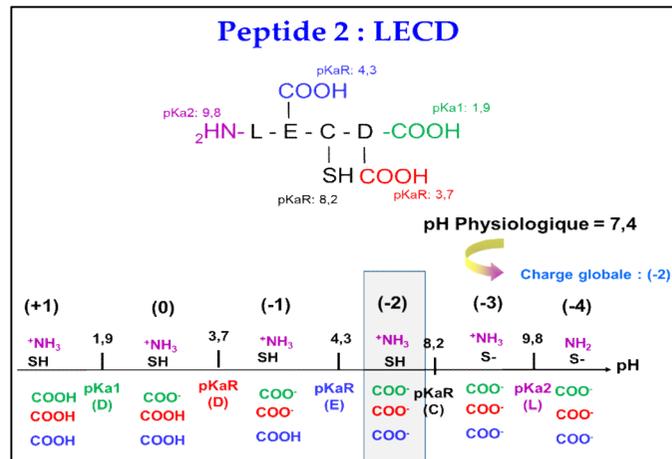
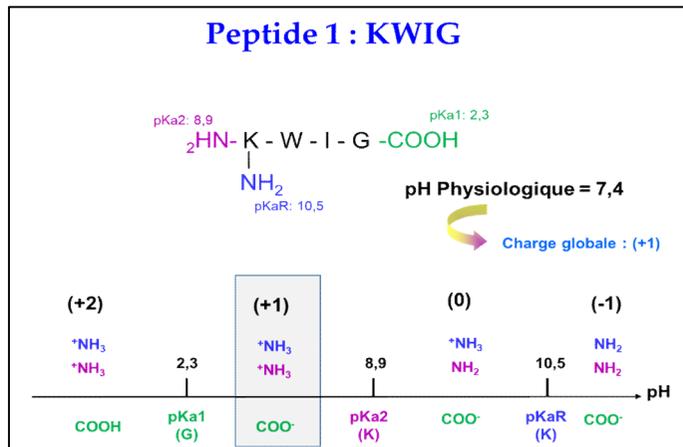
V-LIPIDES

38/ Soit un mélange de 3 peptides: 1) KWIG; 2) LECD; 3) AGYS. Indiquer l'item qui correspond à un rangement de ces 3 peptides par ordre décroissant de leur charge globale lorsque pH = 7,4

- A) 1, 2, 3
- B) 2, 3, 1
- C) 3, 2, 1
- D) 2, 1, 3

Réponse E

E) 1, 3, 2 Vrai : Etat d'ionisation à pH = 7,4 pour chaque groupement ionisable des peptides ; KWIG (+1), LECD (-2), AGYS (0)  
Ordre décroissant de leur charge globale: 1, 3, 2



I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

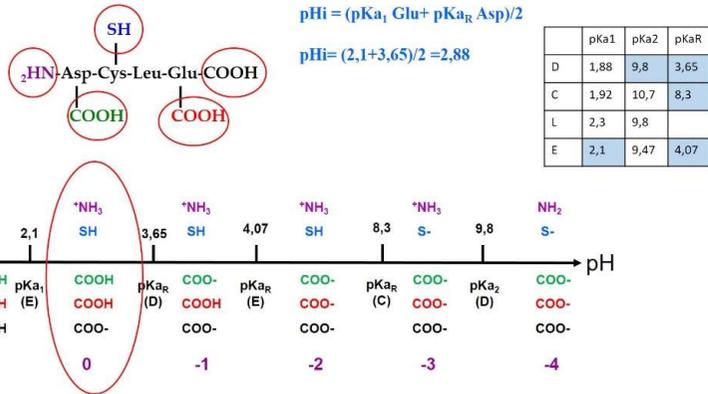
39/ Soit un mélange de 3 peptides: 1) D-C-L-E; 2) R-P-G-K; 3) V-I-I-G. Ce mélange est soumis à une chromatographie échangeuse de cations, avec un gradient de pH de 1 à 12. Indiquer l'ordre d'élution des 3 peptides.

- A) 1, 2, 3
- B) 2, 3, 1
- C) 3, 2, 1
- D) 2, 1, 3

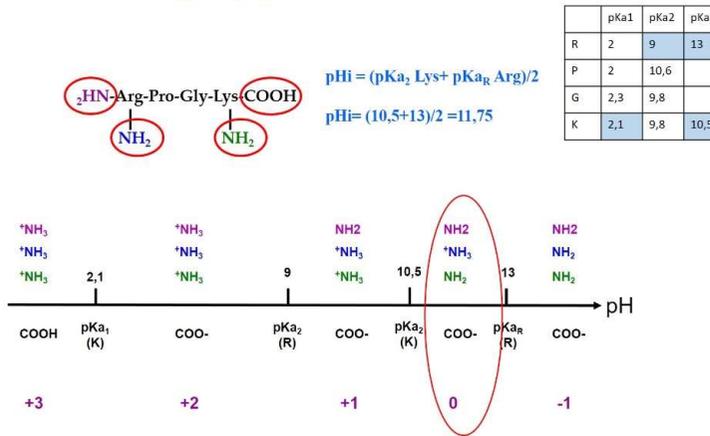
E) 1, 3, 2 Vrai ; Echangeuse de cation ; Ordre d'élution des peptides: ordre croissant des pHi  
 D-C-L-E pHi = 2,88, R-P-G-K pHi= 11,75, V-I-I-G pHi = 6,05

Réponse E

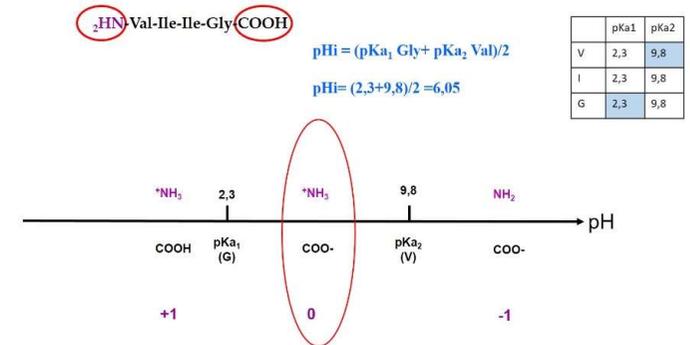
pHi peptide 1: D-C-L-E



pHi peptide 2: R-P-G-K



pHi peptide 3: V-I-I-G



I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

40/ Soit le décapeptide suivant: Asp-Val-Lys-Gly-Leu-Lys-Ser-Thr-Phe-Trp. On digère ce décapeptide par la trypsine et on fait migrer les oligopeptides obtenus par électrophorèse. Parmi les propositions ci-dessous, quel est le peptide qui migrera le plus loin vers l'anode lors d'une électrophorèse sur papier à pH=13?

A- Gly-Leu-Lys

B- Lys-Gly-Leu

C- Asp-Val-Lys Vrai : La trypsine coupe après Lys, cela libère 3 fragments. Le peptide qui migrera le plus loin vers l'anode à pH = 13 est celui qui aura la plus forte charge (-) à ce pH. À pH13, Asp-Val-Lys (-2), Gly-Leu-Lys (-1), Ser-Thr-Phe-Trp (-1)

D- Lys-Ser-Thr-Phe-Trp

E- Ser-Thr-Phe-Trp

2) Charge des peptides générés suite à la coupure par la trypsine à pH= 13

1) Résultat coupure par trypsine



On libère 3 fragments:

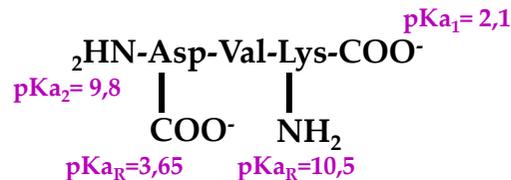
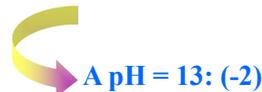
Asp-Val-Lys

Gly-Leu-Lys

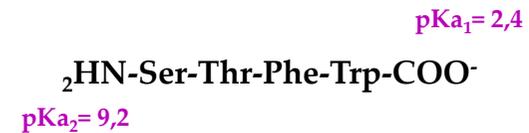
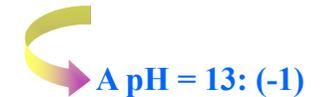
Ser-Thr-Phe-Trp

Réponse C

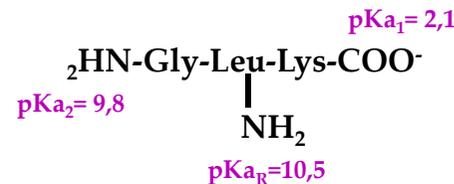
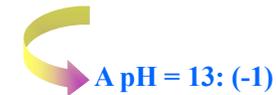
Asp-Val-Lys



Ser-Thr-Phe-Trp



Gly-Leu-Lys



I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

41/ Soit le polypeptide suivant : DARGEHSKYVREWMQKFDKPGCM

Ce polypeptide est digéré par la trypsine et une électrophorèse bi-dimensionnelle est réalisée sur les fragments peptidiques générés. Parmi les propositions suivantes, indiquer celles qui sont exactes :

Fragments générés : DAR, GEHSK, YVR, EWMQK, FDKPGCM

A) Le peptide (c) est un tetrapeptide

Faux, le peptide qui a migré en (c) est le fragment peptidique 2 et c'est un pentapeptide

B) Une coupure du peptide (b) par la chymotrypsine libère entre autre un dipeptide

Vrai, le peptide qui a migré en (b) est le fragment 4, on aura donc coupure derrière W par la chymotrypsine et on va bien libérer entre autre un dipeptide: libération de EW et de MQK

C) Une coupure du peptide (b) par le bromure de cyanogène libère entre autre un dipeptide

Vrai, le peptide qui a migré en (b) est le fragment 4, suite à l'action du bromure de cyanogène on va cliver la liaison peptidique derrière M et on va libérer entre autre un dipeptide: libération de AWM et QK

D) Le peptide (e) est chargé (+) à pH =7

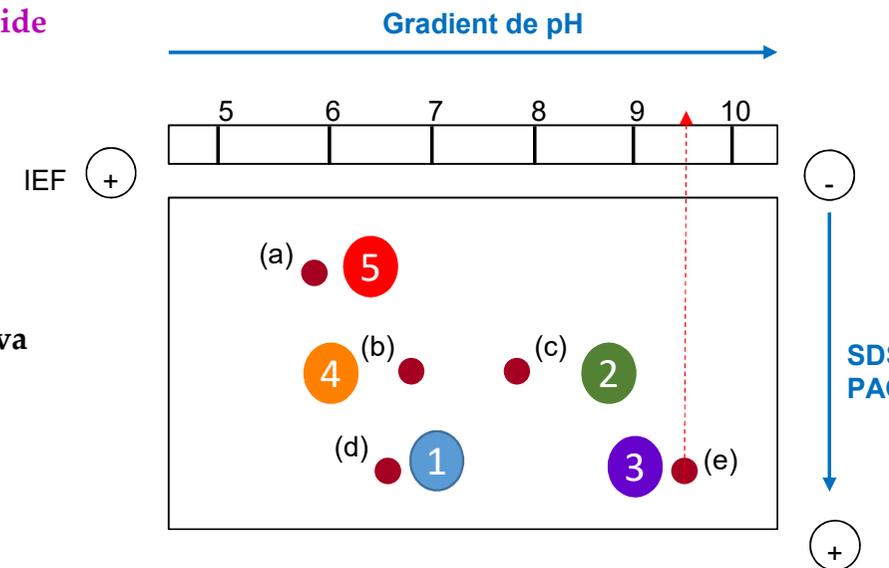
Vrai, le peptide qui a migré en (e) a un pHi > 9, donc à pH7 il est bien chargé (+)

E) Une coupure du peptide (a) par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque (NTCB) libère entre autre un dipeptide

Vrai, le peptide qui a migré en (a) est le fragment 5, suite à la coupure par le NTCB il va y avoir coupure de la liaison peptidique en amont de C, et on va libérer entre autre un dipeptide: libération de FDKPG et de CM

Réponse BCDE

- 1 D-A-R
- 2 G-E-H-S-K
- 3 Y-V-R
- 4 E-W-M-Q-K
- 5 F-D-K-P-G-C-M



I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

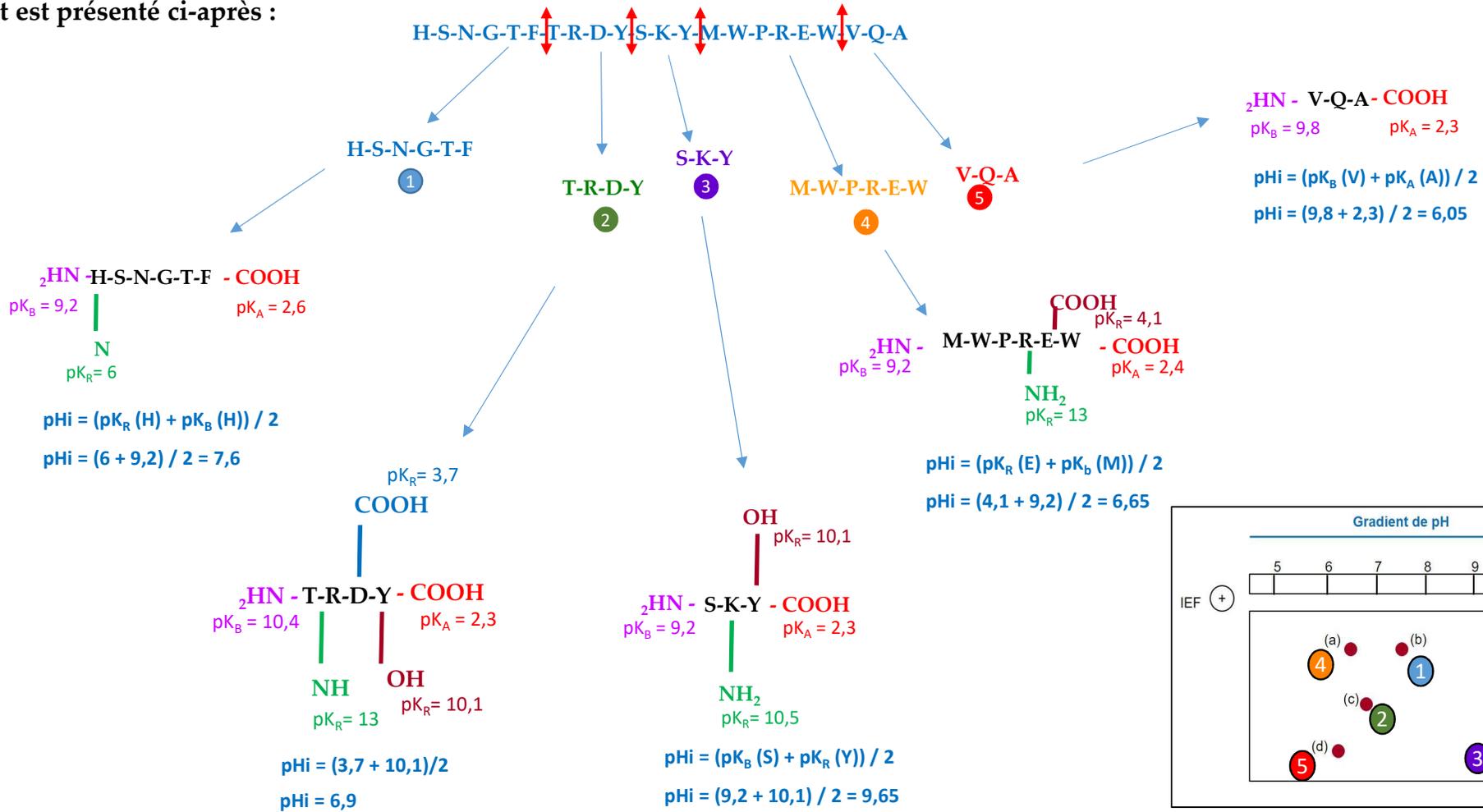
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

42/ Soit le polypeptide suivant : H-S-N-G-T-F-T-R-D-Y-S-K-Y-M-W-P-R-E-W-V-Q-A

Ce polypeptide est digéré par la chymotrypsine et une électrophorèse bi-dimensionnelle est réalisée sur les fragments peptidiques générés. Le résultat est présenté ci-après :



I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

42/ Soit le polypeptide suivant : H-S-N-G-T-F-T-R-D-Y-S-K-Y-M-W-P-R-E-W-V-Q-A

Ce polypeptide est digéré par la chymotrypsine et une électrophorèse bi-dimensionnelle est réalisée sur les fragments peptidiques générés. Le résultat est présenté ci-après :

A Une fragmentation chimique au bromure de cyanogène du peptide (a) libère entre autre un pentapeptide

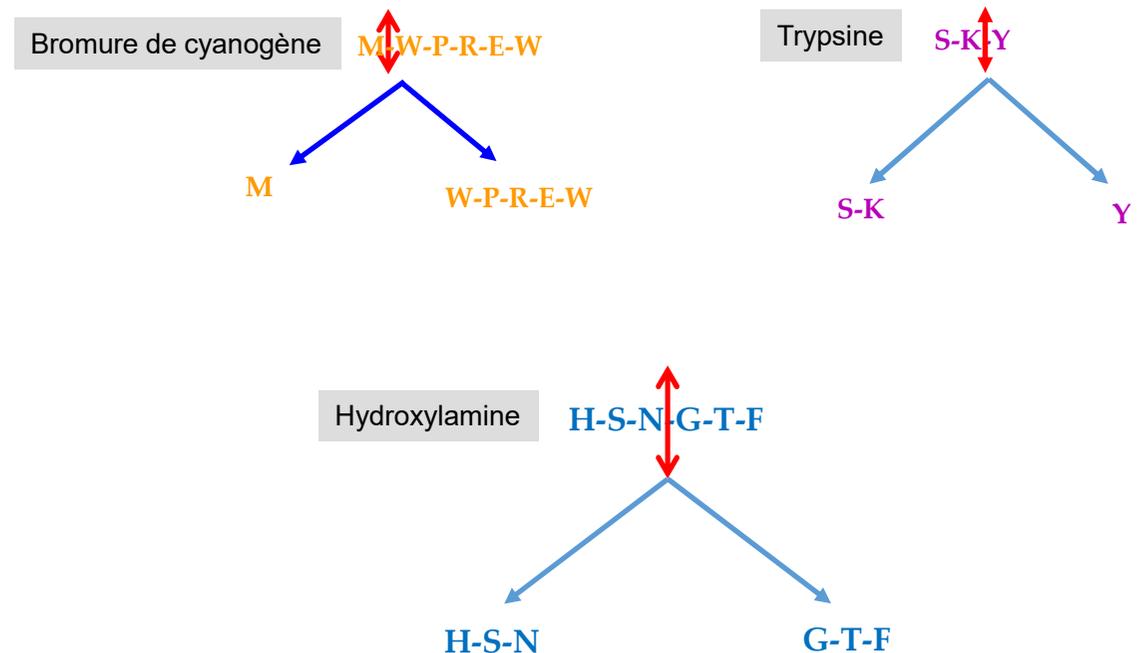
B Le peptide (e) est un tetrapeptide

C Le peptide (c) est chargé positivement à pH = 7

D Une coupure du peptide (e) par la trypsine

libère entre autre un dipeptide

E Une fragmentation chimique du peptide (b) par l'hydroxylamine libère entre autre un tripeptide



I-ACIDES  
AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

L'énoncé suivant correspond aux QCM N° 43 et 44

Un polypeptide dont on veut déterminer la séquence a subi:

- Une hydrolyse acide permettant d'identifier les composants suivants: Gly, Ala, 2 Cys, Arg, Glu, Ile, Thr, Phe, Val
- Un traitement par le  $\beta$ -mercaptoéthanol permet d'isoler deux peptides plus petits: le peptide A contenant 7 Acides aminés et le peptide B contenant 4 Acides aminés
- L'action de la carboxypeptidase sur le peptide A libère un résidu Ile
- Le traitement par le réactif d'Edman du peptide A permet d'identifier le PTH-Gly
- Le traitement du peptide A par la trypsine donne un tripeptide et un tetrapeptide
- Le traitement du peptide B par le réactif d'Edman permet d'identifier le PTH-Thr
- L'action de la carboxypeptidase sur le peptide B libère un résidu Val
- Le traitement du peptide B par la chymotrypsine donne de la valine et un tripeptide

43/Parmi les propositions ci-dessous, indiquer quelle séquence est compatible avec ces résultats expérimentaux

A) Gly-Ala-Cys-Arg-Glu-Trp-Ile

Thr-Cys-Phe-Val

B) Gly-Ala-Arg-Glu-Trp-Ile-Cys

Cys-Val-Phe-Thr

C) Ile-Glu-Arg-Cys-Ala-Trp-Gly

Val-Phe-Cys-Thr

D) Gly-Cys-Ala-Trp-Arg-Glu-Ile

Cys-Thr-Phe-Val

E) Gly-Arg-Trp-Cys-Ala-Glu-Ile

Val-Phe-Thr-Cys

I-ACIDES  
AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

43/ Un polypeptide dont on veut déterminer la séquence a subit:

- Une hydrolyse acide permettant d'identifier les composants suivants: Gly, Ala, 2 Cys, Arg, Glu, Ile, Thr, Phe, Val

Cette information ne nous permettait pas d'éliminer une proposition

- Un traitement par le  $\beta$ -mercaptoéthanol permet d'isoler deux peptides plus petits: le peptide A contenant 7 Acides aminés et le peptide B contenant 4 Acides aminés

Cette information ne nous permettait pas d'éliminer une proposition car le  $\beta$  mercaptoéthanol clive les ponts disulfures, on a des ponts disulfures dans les 5 propositions et suite à chaque coupure on a un peptide A de 7 AA et un peptide B de 4 AA

- L'action de la carboxypeptidase sur le peptide A libère un résidu Ile

La carboxypeptidase clive le dernier acide aminé. Donc on pouvait éliminer les propositions B et C puisque l'on n'a pas en C terminal un Ile

- Le traitement par le réactif d'Edman du peptide A permet d'identifier le PTH-Gly

Le réactif d'edman permet d'identifier l'AA en position N-terminale. OK pour les propositions A, D et E

- Le traitement du peptide A par la trypsine donne un tripeptide et un tetrapeptide

La trypsine clive les liaisons peptidiques derrière Arg et Lys sauf si Pro derrière ces acides aminés. Seule la coupure du peptide A de la proposition A par la trypsine libère un tripeptide et un tetrapeptide. Donc on pouvait éliminer D et E. il faut cependant finir l'énoncé pour être sûr que la propositions rempli toutes les conditions de l'énoncé car il peut n'y avoir aucune réponse correcte.

- Le traitement du peptide B par le réactif d'Edman permet d'identifier le PTH-Thr

Vrai pour la proposition A, on a bien une Thr en position N-Terminale sur le peptide B

- L'action de la carboxypeptidase sur le peptide B libère un résidu Val

Vrai pour la proposition A, on a bien Val en position C-ter sur le peptide B

- Le traitement du peptide B par la chymotrypsine donne de la valine et un tripeptide

Vrai pour la proposition A. La chymotrypsine clive les liaisons peptidiques derrière les acides aminés aromatiques sauf si Pro derrière.



Réponse A

I-ACIDES AMINES

**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

44/ On dépose sur un gel de polyacrylamide SDS-PAGE dans un même puits les produits des réactions enzymatiques suivantes:

- Action de la trypsine sur le peptide A
- Action de la chymotrypsine sur le peptide B

Après migration, le gel est coloré au bleu de coomassie. Le résultat de l'électrophorèse est représenté ci-dessous.

A- La bande (c) correspond à la migration de la valine

Vrai.

B- La bande (c) correspond à la migration du tetrapeptide

Faux

C- La bande (c) correspond à la migration du tripeptide

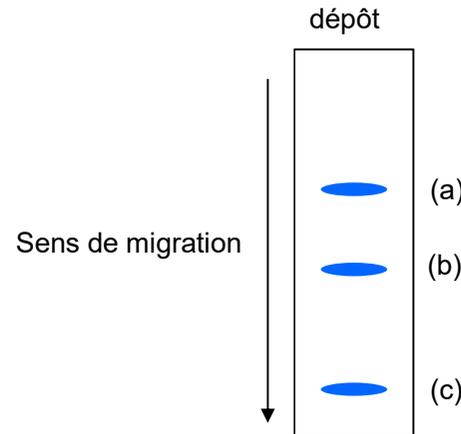
Faux

D- La bande (b) correspond à la migration du tripeptide

Vrai

E- La bande (b) correspond à la migration du tetrapeptide

Faux



Réponse A,D

On part donc de la séquence peptidique proposée en A (validation au QCM 43) sur laquelle on fait agir le  $\beta$ -mercaptoéthanol permettant d'obtenir les peptides A et B ci-dessous.

Si on fait agir la trypsine sur le peptide A: on obtient 1 tetrapeptide et 1 tripeptide

Si on fait agir la chymotrypsine sur le peptide B on obtient 1 tripeptide et 1 acide aminé: Val

Peptide A: Gly-Ala-Cys-Arg-Glu-Trp-Ile  
↓ Trypsine

Peptide B: Thr-Cys-Phe-Val  
↓ Chymotrypsine

En électrophorèse SDS-PAGE: tous les peptides sont chargés (-). Ils vont se séparer en fonction de leur taille: les plus petits sont ceux qui migrent le plus loin



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

46/ Parmi les propositions suivantes concernant la structure des protéines, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

A. On parle de protéine lorsqu'on a plus de 50 acides aminés

Vrai

B. Au sein d'une protéine, une liaison peptidique se fait souvent entre la chaîne latérale d'un acide aminé acide et le groupement amine d'un autre acide aminé

Faux : elle s'établit entre la fonction carboxyle portée par le carbone  $\alpha$  d'un acide aminé et la fonction amine portée par le carbone  $\alpha$  de l'acide aminé suivant dans la chaîne peptidique. Si c'est le groupement ionisable présent dans la chaîne latérale qui est impliqué, on parle de liaison isopeptidique

C. La présence d'une proline favorise la formation d'un coude

Vrai

D. La chaîne principale peut adopter un nombre infini de conformations autour du carbone alpha

Faux

Réponse A,C

E. Un feuillet bêta est une structure polycaténaire

Faux

47/ Parmi les propositions suivantes concernant la structure des protéines, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

A. La structure tertiaire caractérise la conformation de la protéine qui est la plus stable thermodynamiquement

Vrai : structure spatiale avec le repliement de la chaîne sur elle-même. Conformation la plus stable et la plus basse en énergie. Interaction faible entre les chaînes latérales

B. Elle dépend de la structure primaire

Vrai

C. Elle se déduit facilement de la structure primaire

Faux

D. Elle dépend de l'environnement

Vrai

Réponse A,B,D

E. Elle est rigide

Faux

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

48/ Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s). L'hélice  $\alpha$  des protéines ;

A. est l'une des caractéristiques de la structure tertiaire

Faux : C'est une structure secondaire des protéines

B. constitue un noyau stable dans la structure des protéines

Vrai

C. contient souvent un résidu prolyl

Faux

D. est retrouvée dans les domaines transmembranaires des protéines

Vrai

E. Dans les hélices alpha la liaison H s'effectue entre le CO du résidu n et le NH du résidu n+4

Vrai

Réponse B,D,E

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

A. L'hélice  $\alpha$  est une structure cylindrique à l'intérieur de laquelle les ions peuvent traverser la membrane plasmique

Faux

B. Dans les hélices alpha amphiphiles, les résidus hydrophobes sont tournés vers les lipides membranaires

Vrai, il s'agit d'hélices constituées d'un côté hydrophile et d'un côté hydrophobe (nature des chaînes latérales des AA constituant l'hélice). La face hydrophobe interagit avec les lipides membranaires

C. Une hélice alpha se forme grâce à des liaisons hydrogènes interchaînes

Faux : Liaison entre les chaînes latérales des acides aminés d'une même chaîne peptidique

D. La plupart des hélices alpha sont riches en proline

Faux: Proline déstabilise l'hélice alpha donc rare – Proline surtout retrouvé dans les coudes

E. Les feuilletts  $\beta$  sont constitués de brins  $\beta$  reliés latéralement par des liaisons hydrogènes

Vrai

Réponse B,E



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

52/ Parmi ces 5 séquences d'hélice alpha, quelle est celle qui est la meilleure candidate pour lier l'ADN?

A. YTRPQLVELEKEFHFN

B. ERQIKIWFQNRMRMKKDN

Vrai : ADN acide, chargé négativement → Se lie à des protéines basiques chargées (+) – il s'agit de la séquence qui a le plus de résidus basiques

C. ITLIYFGVMAGVIGTILLIS

D. TDKEWELIKTVTRAHVAT

E. SDAIFDLGMSLSS

Réponse B

53/ A quel domaine correspond la séquence qui est un facteur de transcription ?

QKTCLICGDEASGCHYGALTCGSCKVFFKRAAEGKQKYLCASRNDCTIDKFRR  
KNCPSCRRLRKCYEAGMTL

A. Domaine à 7 passages transmembranaires

Faux : constituerait une séquence bien plus longue pour former 7 domaines transmembranaires + les domaines intra et extra cellulaires intermédiaires

B. Domaine Leucine Zipper

Faux : nécessite une leucine tous les 7 résidus avec au moins 4 leucines

C. Domaine du peptide signal

Faux : nécessite une grande richesse en a.a. hydrophobes.

D. Domaine à 2 doigts de zinc

Vrai : par la présence des couples de cystéines rapprochées, à quatre reprises (soit 2 doigts de zinc).

E. Homéodomaine

Faux : nécessite une majorité d'a.a. hydrophobes sur un minimum de 60 a.a.

Réponse D

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

54/ Concernant les modifications post-traductionnelles, quelles propositions sont vraies ?

A. La O-glycosylation est définie par l'ajout d'un ose sur une Asparagine

Faux : Ajout d'un ose sur une asparagine = N-glycosylation. O-glycosylation = ajout d'un ose sur une serine ou thréonine

B. Elles peuvent réguler l'activité des protéines

Vrai

C. L'ubiquitination d'une protéine l'adresse forcément à la dégradation par le protéasome

Faux : Moins de 3 ubiquitines = Adressage, signalisation. Plus de 3 ubiquitines = Dégradation par le protéasome

D. Elles peuvent permettre d'adresser les protéines à un compartiment cellulaire spécifique

Vrai

E. La phosphorylation ne peut se faire que sur les acides aminés porteurs d'un groupement hydroxyle

Vrai

Réponse B,D,E

55/ Concernant la dégradation des protéines :

A. La dégradation par le protéasome est l'unique voie de dégradation des protéines

Faux : Deux grandes voies de dégradation des protéines : protéasome et autophagie

B. Les protéines sont reconnues par le protéasome lorsqu'elles portent plus de 3 ubiquitines

Vrai

C. Le syndrome d'Angelman est causé par un excès de dégradation des protéines par le protéasome

Faux : Perte de la ligase E6-AP de la voie protéasomale : défaut de dégradation des protéines

D. La dégradation des protéines permet le recyclage des acides aminés

Vrai

E. L'ubiquitine se fixe préférentiellement sur une lysine de la protéine à dégrader

Vrai

Réponse B,D,E

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

56/ Une protéine a une masse moléculaire de 750 kDa. En présence d'urée à forte concentration (6 M), cette protéine se dissocie en trois types de sous-unités de masse moléculaire respective de 300.000, 150.000 et 50.000 Da. En présence additionnelle d'un agent réducteur, on retrouve des chaînes polypeptidiques de poids moléculaire de a; 200.000 et b; 50.000 Da.

A. Elle est trimérique

Vrai : cette protéine a trois sous-unités

B. Sa structure quaternaire peut être de type  $a_3b_3$

Faux.

C. La sous unité de 150 kDa est de type  $b_3$

Vrai

D. Elle est dimérique

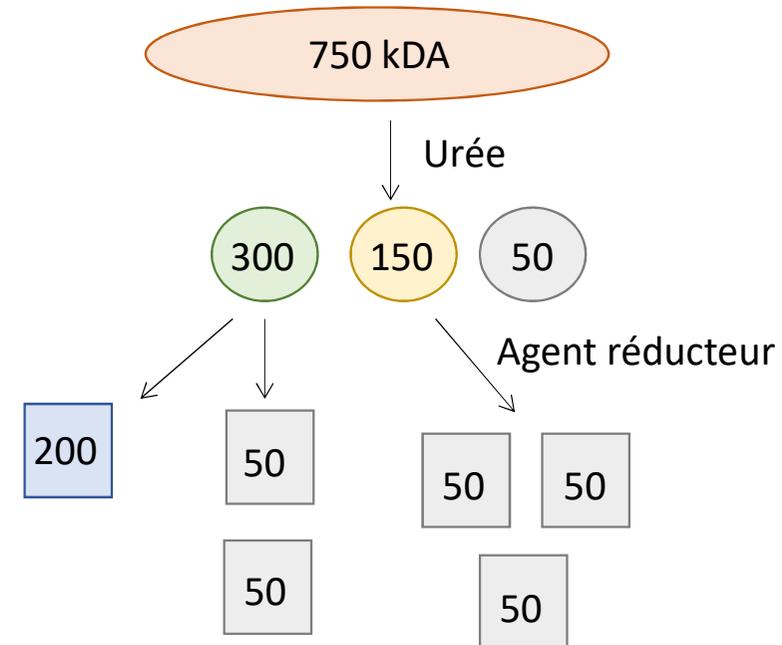
Faux.

E. Sa structure quaternaire est stabilisée par des ponts disulfures

Vrai : puisque le traitement à l'agent réducteur a effectivement séparé des chaînes polypeptidiques distinctes.

Urée = rupture des liaisons faibles = sous unités séparées

Agent réducteur = coupure des ponts disulfures



Réponse ACE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

L'énoncé suivant correspond aux QCM N° 57 et 58

Un échantillon contenant 4 protéines est soumis à différentes chromatographies. Ces 4 protéines sont définies par leur pHi et leur masse moléculaire (MM) :

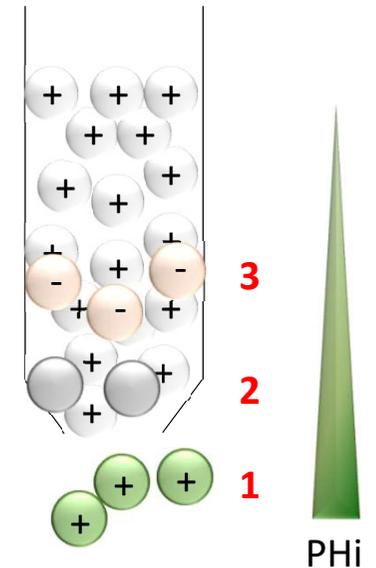
a) cytochrome C	pHi: 10,5	MM:13 400 Da
b) Chymotrypsinogène	pHi: 9,5	MM: 23 000 Da
c) albumine	pHi: 4,8	MM: 68 500 Da
d) Yglobuline	pHi: 6,6	MM: 150 000 Da

57/ Cet échantillon est soumis à une chromatographie échangeuse d'anions. La colonne de chromatographie et le mélange sont équilibrés à pH 12. Ce mélange est alors déposé dans la colonne. On élue ensuite la colonne par un tampon dont le pH diminue progressivement. Quel est l'ordre d'élution?

- A. a - b - c - d
- B. c - d - b - a
- C. d - b - a - c
- D. c - a - b - d
- E. a - b - d - c

Chromatographie échangeuse d'anion : elle va retenir les protéines chargées (-). La colonne et le mélange sont équilibrés à pH = 12, soit un pH > pHi de ces 4 protéines → ces 4 protéines seront chargées (-) et seront retenues par la colonne. Les protéines seront éluées lorsque le pH de la solution d'élution = leur pHi. élution dans l'ordre de pHi décroissant donc a), b), d) et c)

Chromatographie  
échangeuse d'anions



Réponse E

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

58/ Ce même échantillon est soumis à une chromatographie par gel de filtration. Quel est l'ordre d'éluion ?

- |                      |           |                |
|----------------------|-----------|----------------|
| a) cytochrome C      | pHi: 10,5 | MM:13 400 Da   |
| b) Chymotrypsinogène | pHi: 9,5  | MM: 23 000 Da  |
| c) albumine          | pHi: 4,8  | MM: 68 500 Da  |
| d) Yglobuline        | pHi: 6,6  | MM: 150 000 Da |

A. a - b - c - d

B. b - a - c - d

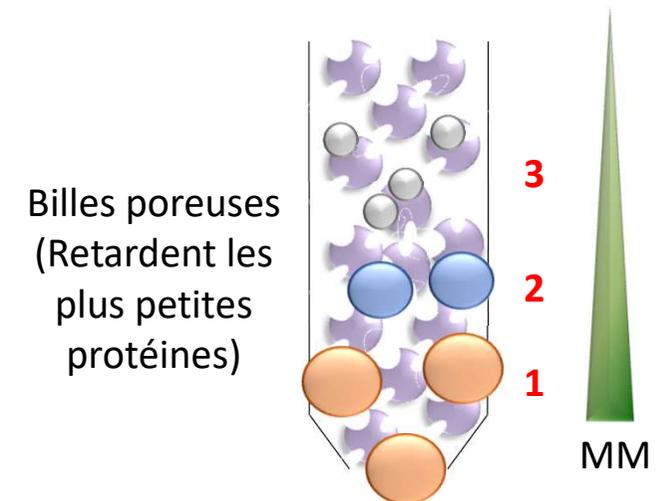
C. d - c - a - b

D. d - c - b - a

Vrai Phase stationnaire : billes poreuses de polysaccharides gonflées dans le solvant utilisé pour l'éluion. Le volume des billes est précisément calibré. Les protéines plus volumineuses que les billes poreuses ne peuvent pas entrer dans les billes et sont donc éluées rapidement. Les protéines dont le PM est plus petit entrent dans les billes, subissent des frottements et sont donc retardés : Éluées de la plus grosse à la plus petite

E. aucune réponse juste

Chromatographie par  
Gel de filtration



Réponse D

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

Enoncé des QCM 59 et 60

Une protéine de 52 kDa:

- SDS-PAGE: 2 bandes : 22 kDa + 8 kDa (profil 1)
- $\beta$ -mercapto-éthanol puis SDS-PAGE : 3 bandes : 22 kDa + 6 kDa + 2kDa (profil 2)
- $\beta$ -mercapto-éthanol et électrophorèse 2D : 4 taches (profil 3)

59/ On en déduit que cette protéine (52kDa):

A. Est constituée de 3 chaînes polypeptidiques

Faux : Profil 3

B. Est constituée de 4 chaînes polypeptidiques

Vrai

C. Contient des chaînes de 6 kDa et 2 kDa visibles sur la ligne de migration (a) du profil 3

Faux

D. Contient des chaînes de 6 kDa et 2 kDa reliées entre elles par des liaisons ioniques

Faux : Séparées après traitement avec l'agent réducteur B-mercapto-éthanol : Ponts disulfures

E. Contient des chaînes de 6kDa et 2 kDa reliées entre elles par des ponts disulfures

Vrai

60/ Combien d'acides aminés contient au total cette protéine de 52 kDa ?

A. environ 212 acides aminés

B. environ 438 acides aminés

Vrai : 1AA = 110 da

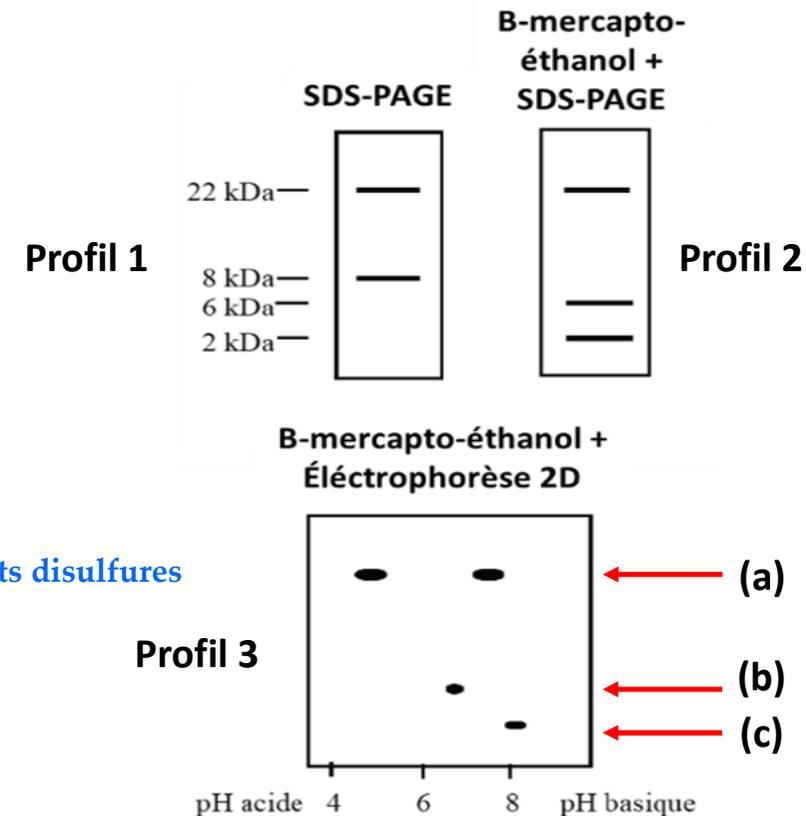
C. environ 608 acides aminés

D. environ 109 acides aminés

E. environ 820 acides aminés

Réponse B,E

Réponse B



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

62/ Vous étudiez l'activation de la voie NF $\kappa$ B dans des macrophages en réponse à une stimulation par du lipopolysaccharide (LPS) bactérien. Pour définir la composition et la localisation des différents complexes protéiques en absence ou en présence de LPS, vous analysez différents extraits protéiques totaux, cytosoliques ou nucléaires par western-blot. Pour cela, vous avez à disposition 4 anticorps: anti-p50, anti-p65/RelA, anti-I $\kappa$ B et anti-phosphoI $\kappa$ B. Par simplification, on considère que seules les protéines étudiées ici peuvent s'associer dans les complexes détectés. Vous obtenez les résultats suivants:

Conditions d'électrophorèse	Anticorps primaire	Extrait protéique	Sans LPS	Avec LPS
Non dénaturante	Anti-p50	Total	155 kDa	115 kDa
Non dénaturante	Anti-I $\kappa$ B	Cytosolique	155 kDa	40 kDa
Non dénaturante	Anti-p65/RelA	Nucléaire	Pas de bande	115 kDa
SDS-PAGE	Anti-phosphoI $\kappa$ B	Cytosolique	Pas de bande	40 kDa
SDS-PAGE	Anti-p50	Total	50 kDa	50 kDa
SDS-PAGE	Anti-p50	Nucléaire	Pas de bande	50 kDa

Vous pouvez conclure de ces expériences que:

- A. P 50 et p 65 interagissent quel que soit le statut d'activation du macrophage
- B. P50, p65 et I $\kappa$ B interagissent dans le noyau en absence de LPS
- C. I $\kappa$ B et p65 sont transloquées dans le noyau dans un macrophage activé
- D. I $\kappa$ B phosphorylé n'interagit plus avec p50 et p65 en présence de LPS
- E. I $\kappa$ B est un monomère contenant environ 200 acides aminés

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

	Conditions d'électrophorèse	Anticorps primaire	Extrait protéique	Sans LPS	Avec LPS
1/	Non dénaturante	Anti-p50	Total	155 kDa	115 kDa
2/	Non dénaturante	Anti-IκB	Cytosolique	155 kDa	40 kDa
3/	Non dénaturante	Anti-p65/RelA	Nucléaire	Pas de bande	115 kDa
4/	SDS-PAGE	Anti-phosphoIκB	Cytosolique	Pas de bande	40 kDa
5/	SDS-PAGE	Anti-p50	Total	50 kDa	50 kDa
6/	SDS-PAGE	Anti-p50	Nucléaire	Pas de bande	50 kDa

> **Condition non dénaturantes** : interactions par liaisons faibles maintenues : poids moléculaires correspondent aux poids des complexes.  
 > **SDS-PAGE** : Liaisons faibles rompues : poids des protéines indépendantes.

On peut formuler au fur et à mesure les interprétations suivantes, d'après chaque ligne du tableau:

Lignes 4, 5, et 6 : P50 = 50 kDa ; IκB/phospho-IκB = 40 kDa (masse négligeable du phosphate) ; La protéine P50 migre dans le noyau après stimulation par le LPS; la protéine phospho-IκB est visible dans le cytoplasme uniquement après stimulation par le LPS

Ligne 1 : La protéine P50 existe sous la forme d'un « grand » complexe de 155 kDa en absence de LPS, et d'un complexe de moindre taille de 115 kDa en présence de LPS.

Ligne 1 et 2 : IκB fait partie du « grand » complexe de 155kDa en l'absence de LPS, et celui-ci se trouve dans le cytosol. En présence de LPS, IκB se désolidarise du complexe et reste dans le cytosol. (155 – 115 = 40kDa = IκB seul).

Ligne 3, 2 et 4: p65 fait bien partie du complexe nucléaire de 115kDa avec p50 en présence de LPS, ce complexe de 115 kDa est nucléaire. Et on a vu en ligne 2 que IκB reste lui cytosolique en présence de LPS, et que cette forme cytosolique est probablement phosphorylée (ligne 4). p65 fait donc également parti du grand complexe de 155kDa cytosolique en absence de LPS (puisque 155kDa = 115kDa + IκB).

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

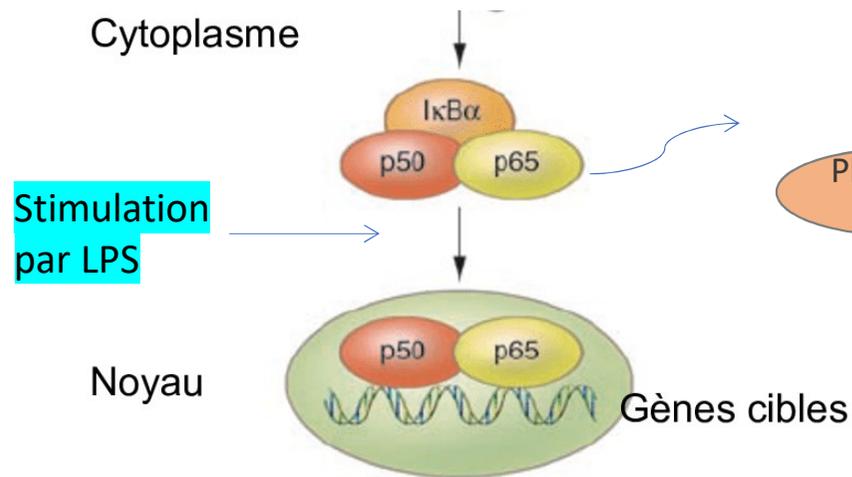
**III- PROTEINES**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

62/

Conditions d'électrophorèse	Anticorps primaire	Extrait protéique	Sans LPS	Avec LPS
Non dénaturante	Anti-p50	Total	155 kDa	115 kDa
Non dénaturante	Anti-I $\kappa$ B	Cytosolique	155 kDa	40 kDa
Non dénaturante	Anti-p65/RelA	Nucléaire	Pas de bande	115 kDa
SDS-PAGE	Anti-phosphoI $\kappa$ B	Cytosolique	Pas de bande	40 kDa
SDS-PAGE	Anti-p50	Total	50 kDa	50 kDa
SDS-PAGE	Anti-p50	Nucléaire	Pas de bande	50 kDa

Au total :

A) **Vrai**B) **Faux** : Le grand complexe p50-p65-IκB (macrophage non stimulé) se trouve dans le cytoplasme.C) **Faux** : Dans le macrophage activé, IκB est désolidarisé du complexe et reste dans le cytoplasme sous forme phosphoryléeD) **Vrai**E) **Faux** : IκB est bien une protéine monomérique, puisque son poids moléculaire est identique en condition dénaturante et non dénaturante. En revanche, comme 1 a.a.  $\approx$  110Da ; on a  $40000/110 \approx 360$  acides aminés et non 200.**Réponse AD**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

63/ Cette structure :

**A. contient des coudes riches en proline ou en glycine**

**Vrai :** En effet, la proline et la glycine opère un « changement de direction » de la chaîne polypeptidique par un coude ( $\beta$ -turn)

**B. Dépend de la séquence primaire de la chaîne polypeptidique**

**Faux :** Le repliement conformationnel de la protéine dépend notamment de son environnement et de facteurs physico-chimiques qui lui permettent d'adopter sa structure tridimensionnelle.

**C. Contient un feuillet bêta parallèle**

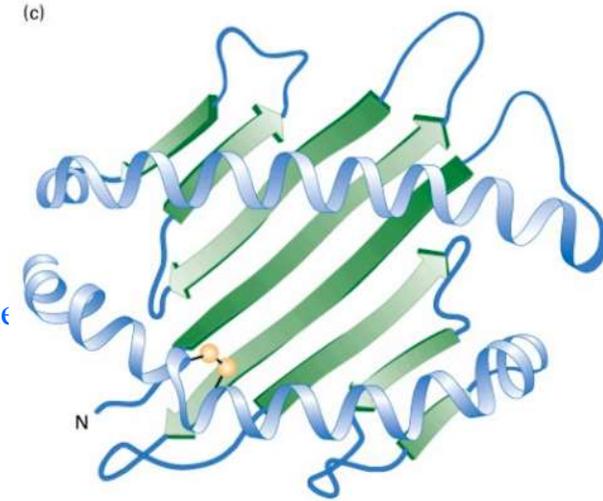
**Faux :** Ne contient que des feuillets bêta antiparallèles.

**D. Est repliée dans la conformation de plus faible énergie**

**Vrai:** c'est le propre des structures secondaires d'une protéine.

**E. Est stabilisée par un pont disulfure entre deux méthionines**

**Faux :** La méthionine porte une fonction thioéther sur sa chaîne latérale, qui est incapable de former des ponts disulfure (cystéine = fonction thiol).



**Réponse AD**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

## 64/ Les récepteurs nucléaires :

### A. Peuvent contenir un domaine de type leucine zipper

**Vrai** : En effet, le domaine leucine zipper a pour propriété de pouvoir fixer l'ADN bicaténaire.

### B. Interagissent avec l'ADN via leur domaine de transactivation

**Faux** : Le domaine de transactivation d'un récepteur nucléaire est un domaine de liaison à un cofacteur intervenant par exemple dans la régulation de son activité biologique (régulation de la transcription génique). Il est différent du domaine de liaison à l'ADN.

### C. Fixent leur ligand à la membrane plasmique

**Faux** : Les ligands des récepteurs nucléaires sont capables de traverser la membrane plasmique (transporteur, diffusion passive,...) et l'interaction ligand-récepteur a lieu dans le cytoplasme sur un récepteur soluble.

### D. Sont généralement couplés à la protéine G

**Faux** : La protéine G est couplée à des récepteurs à 7 domaines transmembranaires, dont le mode de transduction du signal est différent.

### E. Agissent sous forme d'homo- ou d'hétérodimères

**Vrai** : Une fois activé par son ligand, le récepteur nucléaire entre dans le noyau et se dimérise de façon à lier l'ADN.

**Réponse AE**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

## 65/ Le Western-blot de type SDS-PAGE:

### A. Permet de séparer des protéines en fonction de leur pHi

**Faux** : La migration en gel de Polyacrylamide (PAGE) en présence de SDS (Sodium-Dodecyl-Sulfate) exerce une séparation des composés protéiques en fonction de leurs poids ou tailles moléculaires.

### B. Permet de séparer des protéines en fonction de leur masse

**Vrai**

### C. Débute par une étape de transfert des protéines sur une membrane

**Faux** : La séparation en gel de Polyacrylamide a lieu dans un premier temps, ensuite les protéines migrées sont transférées sur membrane avant révélation par un anticorps dirigé contre la protéine d'intérêt.

### D. Utilise un anticorps secondaire spécifique de la protéine d'intérêt

**Faux** : L'anticorps primaire est spécifique de la protéine d'intérêt; l'anticorps secondaire est dirigé contre le fragment constant de l'anticorps primaire utilisé.

### E. Permet une analyse semi-quantitative de l'abondance de la protéine d'intérêt

**Vrai** : En effet, la comparaison relative de l'intensité de différentes bandes révélées en Western-blot permet une analyse semi-quantitative.

**Réponse BE**

66/ À propos des enzymes...

A. elles jouent un rôle de catalyseur

Vrai

B. elles réduisent l'énergie d'activation nécessaire à l'accomplissement de la réaction

Vrai

C. elles sont dans l'immense majorité des cas des protéines

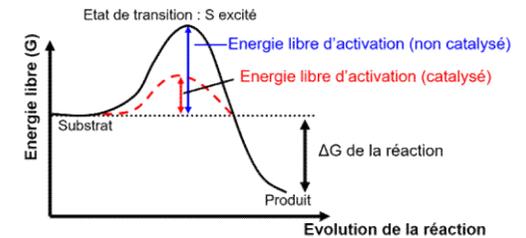
Vrai

D. le substrat se lie à l'enzyme par des liaisons chimiques non covalentes

Vrai

E. le site catalytique d'une enzyme se compose d'un site actif et d'un site de fixation du substrat

Faux : Site catalytique différent du site de fixation. Site de fixation + site catalytique = site actif



Réponse A,B,C,D

67/ Pour démontrer l'équation de Michaelis et Menten, on postule que ;



A. la vitesse d'apparition du produit est égale à la vitesse de disparition du substrat

Vrai

B. la vitesse d'apparition de ES est égale à la vitesse de disparition de ES

Vrai

C. la réaction est totalement déplacée vers la formation de P

Faux

D. le  $K_m$  est égale à la constante de dissociation du complexe ES

Vrai :  $K_m = (k_2 + k_{cat})/k_1 = (k_2/k_1) + (k_{cat}/k_1)$  ; si  $k_{cat} \ll k_1$ ,  $k_{cat} / k_1 \approx 0 \rightarrow k_m \approx k_2/k_1 \approx k_d$

E. le  $K_m$  représente la concentration du substrat nécessaire pour saturer la moitié de l'enzyme

Vrai, le  $K_m$  correspond à la concentration en substrat pour laquelle la vitesse initial =  $V_{max}/2$ , donc lorsque la moitié des molécules d'enzyme sont saturées

Réponse A,B, D, E

68/ Ā propos des enzymes...

A. elles peuvent être de nature ARN

Vrai (exemple: le ribozyme: ARN qui a une activité catalytique)

B. elles accélèrent la vitesse de réaction en modifiant l'équilibre réactionnel

Faux : accélèrent la vitesse des réactions sans modifier leur équilibre (concentration de S et P à l'équilibre). C'est l'énergie libre d'activation qui est modifiée.

C. elles catalysent les réactions en diminuant l'énergie libre d'activation des substrats

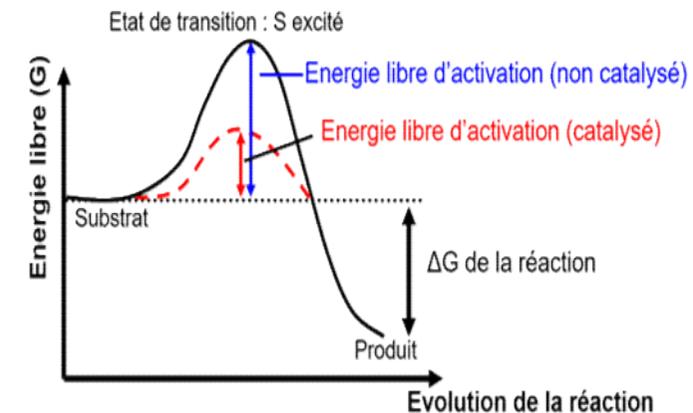
Vrai

D. elles possèdent un site catalytique où se fixent les régulateurs allostériques

Faux : site propre à la régulation allostérique (site allostérique)

E. elles possèdent un site catalytique où se fixent les substrats

Faux : Les substrats interagissent avec l'enzyme au niveau du site de fixation (reconnaissance spatiale du substrat et établissement de liaisons faibles entre l'enzyme et le substrat) qui est un domaine protéique différent du site catalytique (transformation chimique de S en P)



Réponse A,C

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

69/ A propos des enzymes...

A. Une enzyme a un  $K_m = 50 \text{ mmol L}^{-1}$  pour son substrat et fonctionne à une  $V_{max} = 1 \text{ } \mu\text{mol L}^{-1} \text{ min}^{-1}$  dans des conditions standardisées. Si on détermine la vitesse initiale de la réaction enzymatique pour une concentration en substrat de  $50 \text{ mmol L}^{-1}$ , celle-ci sera égale à  $0,5 \text{ } \mu\text{mol L}^{-1} \text{ min}^{-1}$

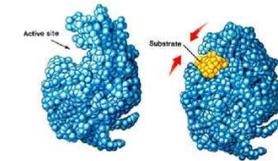
Vrai. Si on se place à  $[S] = K_m$ , on aura une vitesse initiale égale à  $V_{max}/2$ .

$$V_0 = \frac{V_{max} [S]}{K_m + [S]} \quad [S] = K_m$$

$$V_0 = \frac{V_{max} K_m}{K_m + K_m} = \frac{V_{max} K_m}{2K_m} = \frac{V_{max}}{2} = 0,5 \text{ } \mu\text{mol L}^{-1} \text{ min}^{-1}$$

B. Les acides aminés qui constituent le site actif d'une enzyme sont situés à proximité les uns des autres au niveau de la structure primaire de la chaîne polypeptidique

Faux, les acides aminés qui constituent le site actif d'une enzyme sont situés à proximité les uns des autres lorsque l'enzyme a acquis sa structure tridimensionnelle, par repliement de sa structure primaire. Ces acides aminés ne sont pas forcément proches les uns des autres dans la séquence protéique



C. Lorsque  $[S] = 10 K_m$ , la vitesse d'une réaction catalysée par une enzyme ayant un comportement Michaelien est d'environ  $0,9 v_{max}$

Vrai. Comme démontré ici →.

Equation Michaelis-Menten

$$V_0 = V_{max} \frac{[S]}{K_m + [S]} \quad [S] = 10 K_m$$

$$\rightarrow V_0 = \frac{10 \times V_{max} \times K_m}{11 K_m}$$

$$\rightarrow V_0 = 0,9 V_m$$

D. Les effecteurs allostériques modulent l'activité des enzymes Michaeliennes

Faux les effecteurs allostériques modulent l'activité des enzymes allostériques. Une enzyme est dite michaelienne si son activité n'est pas régulée par des effecteurs allostériques.

E. Suite à une carence vitaminique, certaines enzymes deviennent inactives par absence de coenzymes

Vrai, certaines enzymes ne sont actives qu'en présence de coenzymes et les coenzymes peuvent être des dérivés vitaminiques

**Réponse: A, C, E**

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

70/ Soit les deux courbes X et Y ci-dessous, correspondants à une représentation graphique d'une réaction catalysée par une enzyme E. Parmi les propositions suivantes, indiquer la (les) bonne(s) réponse(s)

**A- Il est possible de déterminer le  $K_m$  de l'enzyme E à partir de la courbe X**

Faux, la courbe X est une courbe de suivi de l'apparition du produit au cours du temps. A partir de la courbe X, on peut calculer  $V_0$  uniquement. C'est à partir de la courbe Y que l'on peut déterminer le  $K_m$  de l'enzyme (représentation de Michaelis et Menten).

**B- On peut déterminer une vitesse initiale  $V_0$  à partir de la courbe X**

Vrai, en traçant la tangente à la partie linéaire de cette courbe, la pente de cette tangente correspond à  $V_0$

**C- A partir de la courbe Y, on peut en déduire que l'enzyme E est une enzyme allostérique**

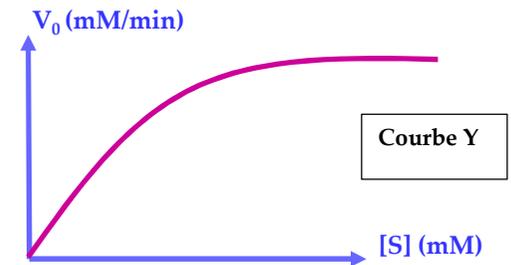
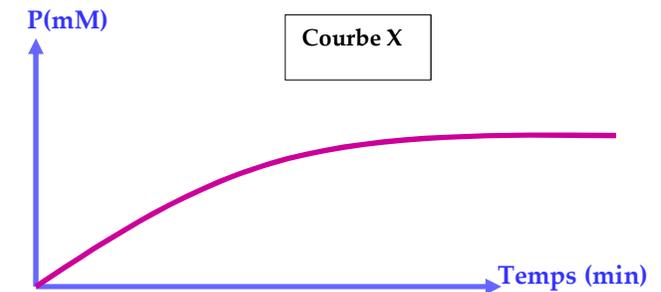
Faux, avec cette représentation graphique on obtient une hyperbole, caractéristique des enzymes Michaeliennes. Pour une enzyme allostérique, on aurait eu avec cette représentation graphique une sigmoïde.

**D- Sur la courbe X,  $V_0 = V_{max}$  lorsque le temps tend vers l'infini**

Faux, lorsque le temps tend vers l'infini, tout le substrat a été transformé en produit.

**E- Il est possible de déterminer  $V_{max}$  à partir des données représentées sur la courbe Y**

Vrai, en traçant l'asymptote à l'hyperbole. L'intersection de cette asymptote avec l'axe des ordonnées permet de déterminer  $V_{max}$ .



**Réponse: B, E**

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME**

V-LIPIDES

71/ A propos des enzymes...

A- Lorsque  $[S] = 10 \text{ km}$ , la vitesse d'une réaction enzymatique est à peu près de  $0,1 V_{\max}$

Faux

$$V_0 = V_{\max} \frac{[S]}{K_m + [S]}$$

$$\frac{10 \times V_{\max} \times K_m}{11 K_m}$$

$$V_0 = 0,9 V_m$$

B- Les isoenzymes sont des enzymes qui vont catalyser le même type de réaction mais sur des substrats différents

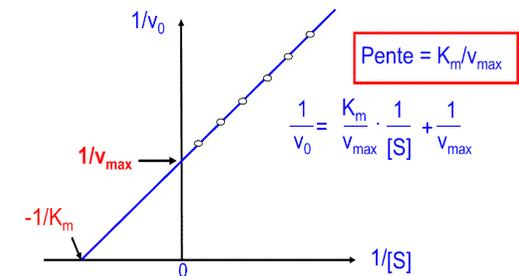
Faux les isoenzymes sont des enzymes qui catalysent la même réaction: à partir du même substrat pour générer le même produit. La différence réside dans la séquence/structure de la protéine.

C- Les kinases sont des protéines qui peuvent réguler l'activité de certaines enzymes

Vrai, les kinases sont enzymes de nature protéique qui vont modifier post-traductionnellement les enzymes en les phosphorylant. Cette phosphorylation conduisant à une activation ou une inhibition de l'activité de ces enzymes

D- Lorsque l'on utilise la représentation de Lineweaver-burk, la valeur de  $V_{\max}$  est calculée à partir du point d'intersection de la droite ( $1/V_0 = f(1/S)$ ) avec l'axe des abscisses

Faux, en représentation de Lineweaver-Burk, la valeur de  $V_{\max}$  est calculée à partir du point d'intersection de la droite avec l'axe des ordonnées



E- Pour une  $[S] = 5 \mu\text{mol.L}^{-1}$  et une  $[E]_0 = 100 \text{ nmol. L}^{-1}$ , lorsque  $V_{\max} = 100 \mu\text{mol.min}^{-1}.\text{L}^{-1}$  cela signifie que la constante catalytique  $K_{\text{cat}}$  de cette enzyme a une valeur de  $1000 \text{ min}^{-1}$

Vrai. Comme démontré ici →.

$$V_{\max} = K_{\text{cat}} [E_0]$$

$$V_{\max} = 100 \mu\text{mol.min}^{-1}.\text{L}^{-1}$$

$$K_{\text{cat}} = V_{\max} / [E_0]$$

$$[E_0] = 100 \text{ nmol/L}$$

$$K_{\text{cat}} = 100/0,1$$

$$K_{\text{cat}} = 1000 \text{ min}^{-1}$$

Réponse: C, E

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

72/ Parmi les propositions suivantes concernant les cofacteurs, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s) ;

A. ils sont de nature protéique et thermostables

Faux : les cofacteurs ne sont pas de nature protéique, par contre ils sont thermostables

B. les co-enzymes liés sont directement régénérés en fin de réaction

Vrai, il s'agit des groupements prosthétiques

C. les co-enzymes libres sont directement régénérés en fin de réaction

Faux, ils doivent se lier à une autre apoenzyme pour se régénérer

D. le NADP<sup>+</sup> et le NAD<sup>+</sup> agissent comme des donneurs de protons et d'électrons

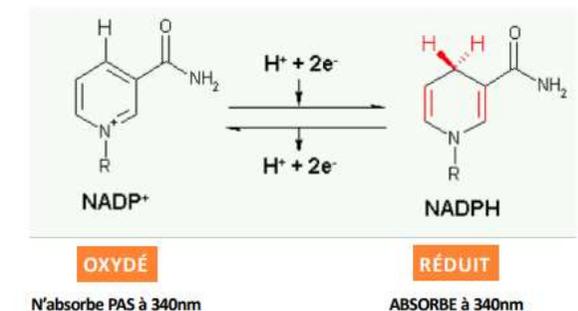
Faux, c'est la forme réduite de ces deux molécules, NADPH et NADH, qui agissent comme des donneurs de protons et d'électrons. Le NADH intervient dans les réactions cataboliques (dégradation) alors que le NADPH intervient dans les réactions anaboliques (synthèse)

E. le NADPH absorbe à 340nm mais pas sa forme oxydée

Vrai, ce coenzyme libre absorbe à 340 nm sous sa forme réduite (NADPH); mais il n'absorbe pas à 340 nm sous sa forme oxydée (NADP<sup>+</sup>)

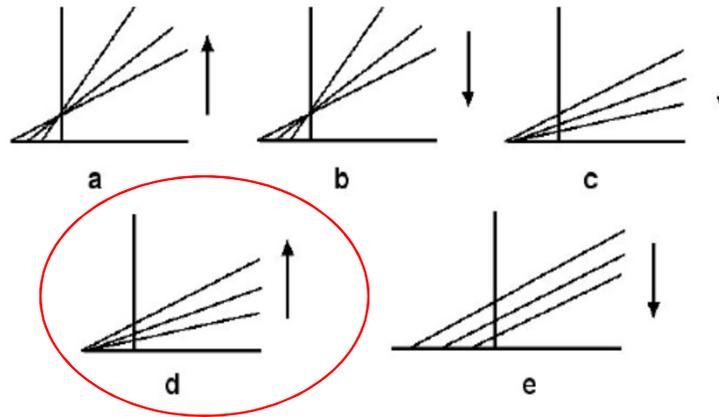
Réponse B,E

#### ■ Coenzymes libres

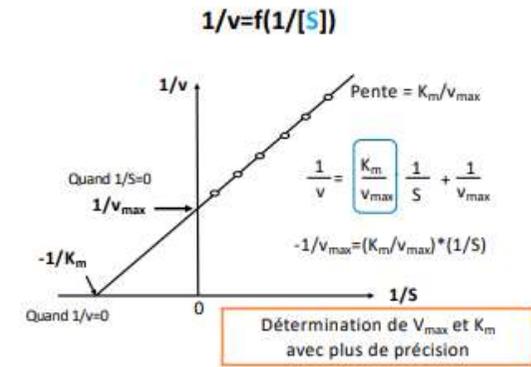


73/ A propos de ces courbes qui sont des représentations de Lineweaver et Burk quelle est celle qui correspond à des inhibiteurs non compétitifs ;

- A. a
- B. b
- C. c
- D. d
- E. e



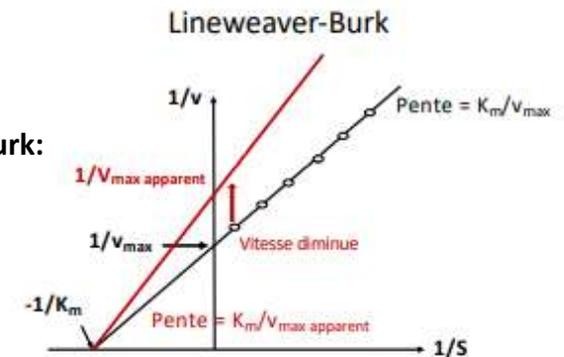
Représentation de Lineweaver et Burk:



- Inhibiteurs non compétitifs :  $V_{max}$  apparente diminuée ( $1/V_{max}$  augmente) ,  $K_m$  inchangé
- Plus la concentration de l'inhibiteur augmente ( $\uparrow$ ), plus le  $1/V_{max}$  augmente (plus le  $V_{max}$  diminue)

Réponse D

Représentation de Lineweaver et Burk:  
Noir: sans inhibiteur  
Rouge: avec inhibiteur compétitif



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

74/ L'aminopeptidase A clive la liaison peptidique entre le 1<sup>er</sup> résidu et le second résidu des polypeptides. Son activité est modulée par les ions Ca<sup>2+</sup>. Le tableau ci-dessous indique les caractéristiques cinétiques de cette enzyme, sur divers substrats, en absence (-) et en présence (+) d'ions Ca<sup>2+</sup>. Parmi les affirmations suivantes, laquelle (lesquelles) est (sont) exacte(s) :

Réponse: B,D

Substrat	Ca <sup>2+</sup>	Km (mol L <sup>-1</sup> )	Kcat (S <sup>-1</sup> )	Efficacité catalytique : Kcat/Km (S <sup>-1</sup> Mol <sup>-1</sup> L)
Angiotensine II	(-)	3.10 <sup>-4</sup>	25	0,84.10 <sup>5</sup>
	(+)	1.10 <sup>-4</sup>	30	3.10 <sup>5</sup>
CCK	(-)	4.10 <sup>-4</sup>	90	2,25.10 <sup>5</sup>
	(+)	1,5.10 <sup>-4</sup>	80	5,34.10 <sup>5</sup>
Neurokinine	(-)	5.10 <sup>-4</sup>	75	1,5.10 <sup>5</sup>
	(+)	2.10 <sup>-4</sup>	85	4,25.10 <sup>5</sup>

A- L'affinité de l'aminopeptidase A pour le substrat Neurokinine est plus élevée en absence d'ions Ca<sup>2+</sup>

Faux. L'affinité de l'aminopeptidase A pour le substrat Neurokinine est plus faible en absence d'ions Ca<sup>2+</sup> car le Km est plus élevé en absence d'ions Ca<sup>2+</sup> qu'en présence de ces ions.

B- L'affinité de l'enzyme pour le substrat diminue quel que soit le substrat en passant d'un milieu réactionnel contenant du Ca<sup>2+</sup> à un milieu réactionnel dépourvu en Ca<sup>2+</sup>

Vrai car le Km augmente lorsque l'on passe d'un milieu réactionnel contenant du Ca<sup>2+</sup> à un milieu réactionnel dépourvu en Ca<sup>2+</sup> donc l'affinité diminue bien.

C- Le turnover du couple aminopeptidase A –CCK est plus faible en absence de Ca<sup>2+</sup>

Faux. Le turnover correspond au Kcat. Et le Kcat de l'enzyme par rapport au substrat CCK est plus élevé en absence de Ca<sup>2+</sup> qu'en présence de Ca<sup>2+</sup>

D- Quel que soit le substrat utilisé, les modifications d'efficacité catalytique observées en absence et en présence d'ions Ca<sup>2+</sup>, sont principalement influencées par la variation d'affinité de l'enzyme pour son substrat

Vrai. L'efficacité catalytique est le rapport de Kcat/ Km. Pour chaque substrat, la valeur du Kcat sans et avec Ca<sup>2+</sup> varie peu. Par contre le Km varie beaucoup plus.

E- Lorsque l'on utilise CCK comme substrat, l'efficacité catalytique de l'aminopeptidase A est plus grande en absence de calcium

Faux. Lorsque l'on utilise CCK comme substrat, l'efficacité catalytique de l'aminopeptidase A est plus grande en présence de calcium et non pas en absence.

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME**

V-LIPIDES

75/ La vitesse d'une réaction..

A. Dépend de la température de la réaction

Vrai

B. Dépend de la quantité des substrats

Vrai

C. Dépend de la quantité d'enzyme

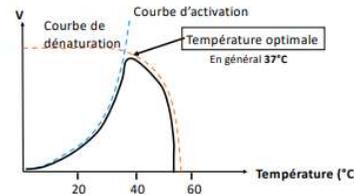
Vrai

D. Est maximale en début de réaction

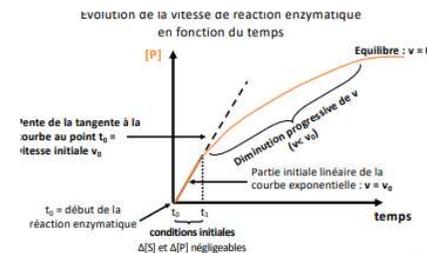
Vrai

E. Est d'ordre 0 si les quantités de substrats sont limitantes

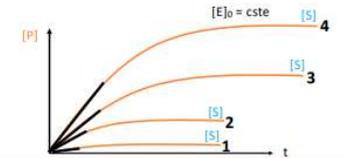
Faux : ordre 1 = substrat limitant; ordre 0 = substrat en excès



Réponse A,B,C,D



Influence de la concentration de substrat [S] sur la vitesse de la réaction pour [E]0=constante



V0 augmente avec la concentration initiale en substrat jusqu'à une valeur limite (Vmax) = saturation de E par S

76/ La constante de Michaelis (Km) ...

A. Est obtenue à partir de la représentation de Michaelis-Menten en se plaçant à Vmax/2

Vrai

B. Représente la concentration d'enzyme nécessaire à saturer l'ensemble du substrat

Faux : Représente la concentration de substrat nécessaire pour avoir V=Vmax/2

C. Correspond à la pente de la représentation d'Eadie Hofstee

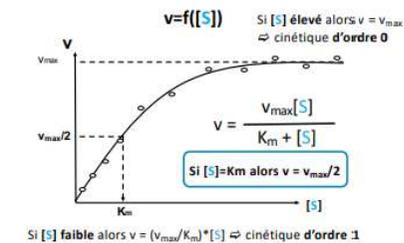
Faux : pente d'Eadie Hofstee = -1/Km

D. Est proportionnelle à l'affinité de E pour S

Faux : Km est inversement proportionnel à l'affinité

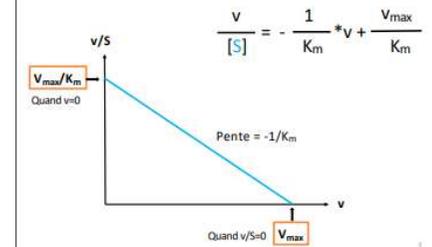
E. Est la constante de dissociation du complexe ES

Vrai. Par approximation comme vu au QCM 67.D.



Réponse A, E

2 Représentation de Eadie-Hofstee



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

77/ 2 substrats A et B pour le même site actif d'une enzyme : A a un  $K_m$  de 1750 nM ; B a un  $K_m$  de 600 nM

A. Pour  $[A]=1 \mu M$ , la vitesse de la réaction enzymatique catalysant le substrat A est  $>$  à  $V_{max}/2$

Faux :  $[A]$  inférieure au  $K_m$  donc la vitesse initiale sera inférieure à  $V_{max}/2$  (cf Courbe de Michaelis et Menten)

B. L'enzyme a une meilleure affinité pour B que pour A

Vrai :  $K_m$  plus faible donc plus grande affinité

C. A peut être considéré comme un inhibiteur compétitif de B

Vrai : A et B sont en compétition pour le même site actif donc sont inhibiteurs l'un de l'autre

D. L'enzyme a une meilleure affinité pour A que pour B

Faux (cf proposition B)

E. Pour  $[B]=10 \mu M$ , la vitesse de la réaction enzymatique catalysant le substrat B est supérieure à la moitié de la  $V_{max}$

Vrai :  $[B]$  est ici largement supérieure à son  $K_m$  donc  $V_0$  sera très supérieure à  $V_{max}/2$ , et même proche de  $V_{max}$  car supérieure à  $10K_m$

Réponse B,C,E

78/ Parmi les propositions ci-dessous, indiquer celle qui correspond à la valeur de  $V_i$  lorsque  $V_{max}=250 \mu mol.L^{-1}.min^{-1}$  et  $K_m$  équivaut au quadruple de la concentration en substrat

Equation de Michaelis et Menten :  $V = (V_{max} \times S) / K_m + [S]$ .

Soit ici  $V_i = (V_{max} \times [S]) / 4[S] + [S] = V_{max} / 5 = 250 / 5 = 50 \mu mol.L^{-1}.min^{-1}$

Réponse C

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

79/ Parmi les propositions ci-dessous, indiquez celle qui correspond à la valeur de  $K_m$  d'une enzyme E de cinétique Michaelienne sachant que la vitesse initiale de formation du produits est de 10% de la  $V_{max}$  lorsque la concentration en substrat est de 10 mmol/L.

Equation de Michaelis et Menten :  $V = (V_{max} \times S) / K_m + [S]$ .  
Soit ici par énoncé:  $V_i = 0,1V_{max}$  lorsque  $[S] = 10$  mmol/L.

Soit :

$0,1 V_{max} = (V_{max} \times 10) / K_m + 10$  ; avec  $K_m$  en mmol/L car  $[S]$  en mmol/L.

$$\Leftrightarrow 0,1 = 10/(K_m + 10)$$

$$\Leftrightarrow K_m = (10/0,1) - 10 = 90\text{mmol/L}$$

Réponse E

80/ A propos de l'équation  $V_0 = (V_{max} [S] / (K_m + [S]))$  :

A.  $V_0$  est la vitesse initiale

Vrai.

B.  $V_{max}$  est la valeur maximale de la vitesse initiale pour une concentration en enzyme donnée

Vrai.

C.  $K_m$  correspond à la concentration en substrat qui permet d'obtenir  $V_0 = V_{max} / 4$ .

Faux. Quand  $[S] = K_m$  :  $V_0 = V_{max}/2$

D. Il s'agit de l'équation de Lineweaver-Burk.

Faux. L'équation de Lineweaver-Burk exprime l'inverse de la vitesse initiale ( $1/V$ ) en fonction de l'inverse de la concentration en substrat ( $1/[S]$ )

E.  $V_{max}$  est égale au produit de la constante catalytique  $K_{cat}$  et de la concentration en enzyme  $E_0$  ( $V_{max} = K_{cat} [E_0]$ )

Vrai.

Réponse ABE

81/ Dans un milieu réactionnel permettant de mesurer la vitesse initiale d'une réaction enzymatique catalysée par une enzyme Michaelienne E, les conditions sont les suivantes :

L'enzyme E est la concentration  $E_0$  de 100 nmol/L

La concentration du substrat [S] est de 5  $\mu\text{mol/L}$

La constante  $K_m$  du couple enzyme E-substrat S est de 20  $\mu\text{mol/L}$

La vitesse initiale mesurée est égale à 20  $\mu\text{mol/L/min}$ .

A. La  $V_{\text{max}}$  est égale à 100  $\mu\text{mol/L/min}$

Vrai. D'après l'équation de Michaelis et Menten :  $V_{\text{max}} = V_0 \times (K_m + [S]) / [S]$ .

Soit  $V_{\text{max}} = 20 \times (20+5)/5 = 20 \times 5 = 100 \mu\text{mol/L/min}$ .

B.  $V_{\text{max}}$  est égale à 50  $\mu\text{mol/L/min}$

Faux, cf item précédent.

C.  $K_{\text{cat}}$  est égale à 1  $\text{min}^{-1}$

Faux.  $V_{\text{max}} = K_{\text{cat}} \times E_0$

$\Leftrightarrow K_{\text{cat}} = V_{\text{max}} / E_0 = 100000/100 = 1000 \text{ min}^{-1}$  (attention aux unités utilisées dans les opérations !)

D.  $K_{\text{cat}}$  est égale à 1000  $\text{min}^{-1}$

Vrai. Cf item précédent.

E. Aucune proposition n'est exacte.

Faux.

Réponse AD

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

82/ L'enzyme E catalyse la transformation du substrat S en produit P selon l'équilibre suivant :

Avec  $K_1 = 1.10^9 \text{ mol}^{-1}.\text{min}^{-1}.\text{L}$

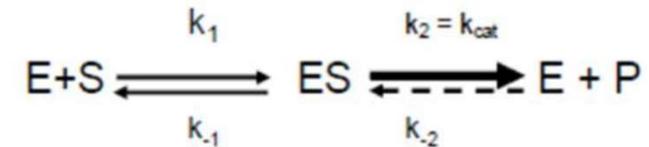
$K_{-1} = 1.10^4 \text{ min}^{-1}$

$K_{cat} = 1.10^2 \text{ min}^{-1}$

La vitesse initiale est mesurée avec 1 concentration en substrat saturante :  $[ES] = [E_0]$

$V_0 = 20.10^{-6} \text{ mol/L/min.}$

Ensuite la vitesse initiale est mesurée avec  $S = 5K_m$ .



Calcul du  $K_m$ :

$K_m = (K_{cat} + K_{-1}) / K_1 = (1.10^2 + 1.10^4) / 1.10^9$

Soit  $K_m = 1.10^{-5} \text{ mol/L}$

$V_{max} = V_0$  dans des conditions réactionnelles de saturation de l'enzyme par son substrat.

Donc  $V_{max} = 20.10^{-6} \text{ mol/L/min.}$

Lorsque  $S = 5K_m$ :

$V_0 = (V_{max} \times 5K_m) / (K_m + 5K_m)$

Soit  $V_0 = 20.10^{-6} \times (5/6) = 17.10^{-6} \text{ mol/L/min.}$

Réponse ACD

L'énoncé suivant correspond aux QCM N° 83 et 84

L'étude cinétique d'une enzyme michaelienne E transformant le substrat S en produit P est représentée sur le graphique ci-dessous (courbe A). Les conditions expérimentales permettent d'être dans le domaine d'application de l'équation de Michaelis-Menten. L'enzyme E est constituée d'une apoenzyme et d'un coenzyme de type groupement prosthétique. La concentration totale en enzyme E ( $[E]_0$ ) dans le milieu réactionnel est de 1 pM soit  $10^{-12}$  mol.L<sup>-1</sup>.

83/ A. La représentation graphique de l'étude cinétique est la représentation de Michaelis-Menten

Faux.

B. La représentation graphique de l'étude cinétique est la représentation de Lineweaver-Burk

Vrai.

Réponse BCDE

C. La vitesse initiale maximale ( $V_{max}$ ) peut être calculée à partir de l'ordonnée à l'origine de la courbe A.

Vrai. La valeur d'ordonnée à l'intersection de la droite et de l'axe des ordonnées (ordonnée à l'origine) est égale à l'inverse de la  $V_{max}$ .

D. L'équation de la courbe A est  $1/V_0 = (V_{max} \cdot [S]) / (K_m + [S])$

Faux: Attention il s'agit d'exprimer l'inverse de la  $V_{max}$ . A partir de l'équation de Michaelis et Menten on peut retrouver que :  $1/V_0 = (K_m + [S]) / (V_{max} \times [S])$ .

E. Le coenzyme et l'apoenzyme de l'enzyme E sont liés de manière covalente.

Vrai. Le groupement prosthétique est solidaire de la structure protéique de l'enzyme par liaisons covalentes.

84/ Par détermination graphique :

$1/V_{max} = 10 \cdot 10^6$  (ordonnée à l'origine)

soit  $\Leftrightarrow V_{max} = 1 \cdot 10^{-7}$  mol/L/min.

Et  $-1/K_m = -2 \cdot 10^4$  (valeur d'abscisse à l'intersection de la droite avec l'axe des abscisses).

soit  $\Leftrightarrow K_m = 0,5 \cdot 10^{-4}$  mol/L

Réponse BCE

Et enfin  $K_{cat} = V_{max} / E_0 = 1 \cdot 10^{-7} / 10^{-12} = 10^5 = 100\,000$  min<sup>-1</sup>

85/ L'enzyme E catalyse la transformation du substrat S en produit P. Une mesure de vitesse initiale avec  $[S] = 4 K_m$  permet d'obtenir un résultat à  $40 \mu\text{mol/L/min}$ . Sachant que  $K_{cat} = 1000 \text{ min}^{-1}$ , nous pouvons en déduire que :

On sait par énoncé que pour  $[S] = 4 K_m$ ,  $V_0$  est égale à  $40 \mu\text{mol/L/min}$ .

D'après l'équation de Michaelis et Menten on peut donc poser la relation suivante:

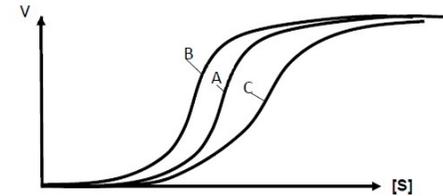
$$40 = (V_{max} \times 4K_m) / (K_m + 4K_m) ; \text{ Soit } \Leftrightarrow 40 = V_{max} \times (4/5) ; \text{ Soit } \Leftrightarrow V_{max} = 40 \times (5/4) = 50 \mu\text{mol/L/min}$$

Et enfin :

$$V_{max} = K_{cat} \times E_0 ; \text{ Soit } \Leftrightarrow E_0 = 50/1000 = 5 \cdot 10^{-2} \mu\text{mol/L} = 50 \text{ nmol/L}$$

Réponse AE

86/ L'étude cinétique d'une enzyme E transformant le substrat S en produit P est représentée sur le graphique ci-dessous (courbe A). La même étude cinétique est effectuée en présence d'une concentration constante d'un métabolite B (courbe B) et d'un métabolite C (courbe C). Avec  $V_0$ : vitesse initiale ;  $[S]$  : concentration en substrat S.



A. L'enzyme E est michaelienne.

Faux. L'allure sigmoïde de la courbe est propre aux enzymes allostériques et non aux enzymes michaeliennes.

B. L'enzyme E est une enzyme allostérique.

Vrai.

C. L'enzyme E a une structure quaternaire oligomérique

Vrai. C'est une caractéristique des enzymes allostériques.

Réponse BC

D. Le métabolite B est un inhibiteur allostérique

Faux. C'est un activateur allostérique : en présence de B la vitesse réactionnelle est plus élevée pour une même concentration en substrat S.

E. Le métabolite C est une activateur allostérique

Faux. C'est une inhibiteur allostérique : en présence de C la vitesse réactionnelle est moindre pour une même concentration en substrat S.

I-ACIDES  
AMINES

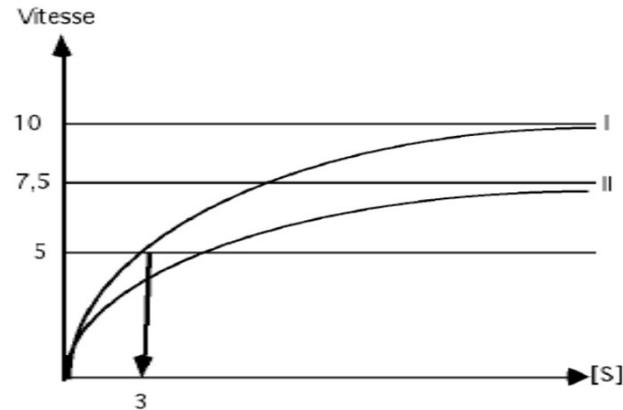
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

87/ Soit la cinétique d'une réaction enzymatique en absence (I) ou en présence (II) d'un inhibiteur. Ce schéma ;



A. Est une représentation de Michaelis et Menten

Vrai

B. Est une représentation de Lineweaver-Burk

Faux

C. Montre une inhibition compétitive

Faux :  $V_{max}$  app diminuée,  $K_m$  inchangé = inhibiteur non compétitif

D. Montre que la  $V_{max}$  est diminuée en présence de l'inhibiteur

Vrai

E. Permet de conclure que l'inhibiteur modifie l'affinité de l'enzyme pour son substrat

Faux :  $K_m$  inchangé = pas de modification de l'affinité

Réponse A,D

I-ACIDES AMINES

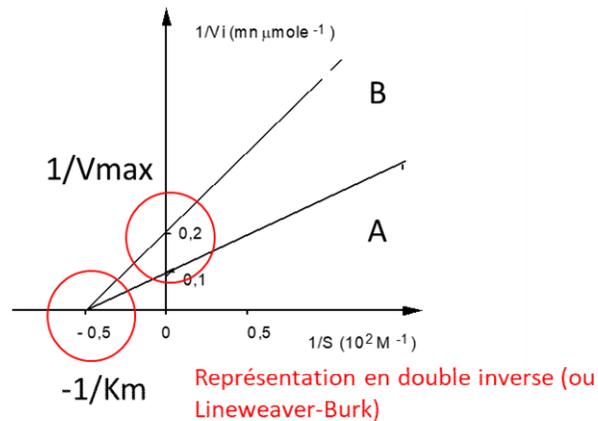
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

88/ S et I sont respectivement un substrat et un inhibiteur d'une enzyme. On mesure la vitesse initiale ( $\mu\text{moles}$  de substrat transformées par minute) pour différentes concentrations de S, en l'absence et en présence de I. Les résultats de cette expérience sont présentés ci-dessous ;



A. Cela montre une inhibition compétitive

Faux :  $K_m$  inchangé ,  $V_{max}$  diminuée

B. Cela montre une inhibition non compétitive

Vrai

C. La courbe B est en présence de l'inhibiteur

Vrai : diminution de la  $V_{max}$

Réponse B,C,E

D. C'est une représentation de Eadie Hofstee

Faux : représentation de Lineweaver-Burk

E. La pente de la courbe est  $K_m/V_{max}$

Vrai

89/ En présence de I, la  $V_{max}$  est de ;

A. 0,2  $\mu\text{moles}/\text{mn}$

B. 2  $\mu\text{moles}/\text{mn}$

C. 10  $\mu\text{moles}/\text{mn}$

D. 5  $\mu\text{moles}/\text{mn}$

Vrai : Présence de l'inhibiteur = courbe B.  $1/V_{max} = 0,2$  donc  $V_{max} = 1/0,2$  soit 5. Exprimée en  $\mu\text{moles}/\text{mn}$

Réponse D

E. 5  $\text{nmoles}/\text{mn}$

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

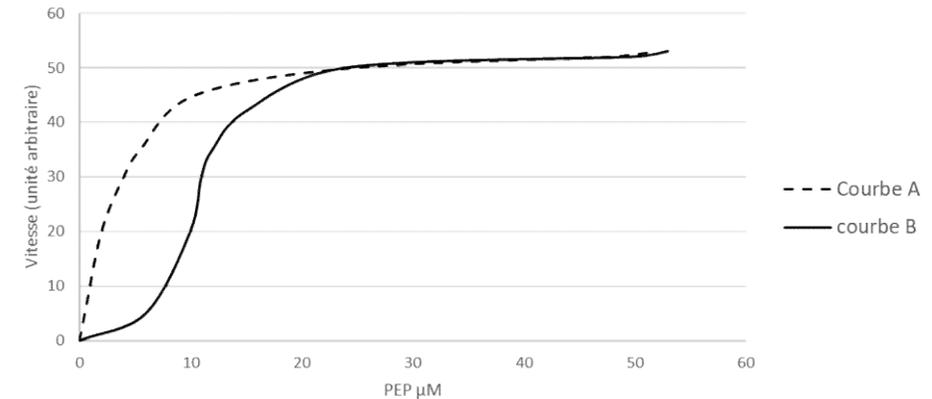
III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

90/ A partir de cette représentation graphique on peut dire que :

- A. Faux : allure sigmoïdienne dans une des deux conditions = il ne s'agit pas d'une enzyme michaelienne.
- B. Faux : Si Z est un inhibiteur, alors présence de l'inhibiteur Z en courbe B. Si Z présent en courbe A : le Km est réduit et la Vmax inchangée, il ne s'agit pas d'un inhibiteur.
- C. Faux: comme on le voit sur le graphique, la vitesse atteint pour de fortes valeurs de [S] la même valeur plateau dans les deux conditions (qui correspond à une Vmax de l'ordre 50 UA).
- D. Vrai : Enzyme allostérique soit situation sans le composé Z qui correspond à la courbe B. En présence de Z (courbe A), le Km est diminué (Valeur de [S] pour  $V = \frac{1}{2} V_{max}$ ). Donc affinité enzyme-substrat augmentée.
- E. Vrai.



Réponse DE

91/ Sachant que Z est le F-1,6-bP. Quelle est son influence sur l'activité de la pyruvate kinase ?

- A. Faux
- B. Vrai, cf QCM précédent.
- C. Faux : le site allostérique d'une enzyme est différent du site catalytique
- D. Vrai, cf SCM précédent
- E. Faux : il accélère au contraire la vitesse réactionnelle (courbe A)

Réponse BD

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

92/ L'insulysine est une enzyme dégradant l'insuline dont le site actif contient un résidu glutamate en position 111. les données cinétiques mesurées pour la forme sauvage et les formes mutées de l'enzyme sont données dans le tableau ci-dessous ;

A. La forme sauvage est une enzyme michaelienne

Faux : sigmoïde = enzyme allostérique

B. Tous les mutants ont une efficacité catalytique diminuée

Vrai

C. La mutation E111L entraîne une diminution de l'affinité de l'enzyme pour l'insuline

Faux : diminution du  $K_m$  donc augmentation de l'affinité

D. La mutation E111A réduit fortement l'affinité de l'enzyme pour son substrat

Vrai : augmentation du  $K_m$  = diminution de l'affinité

E. La vitesse de la réaction catalysée par la mutant E111F est augmentée

Faux :  $K_{cat}$  fortement diminuée

Enzyme	$K_m$ (M)	$K_{cat}$ ( $s^{-1}$ )	Allure courbe $v=f(S)$
Sauvage	$28,7 \cdot 10^{-6}$	162580	Sigmoïde
Mutant E111F	$27,4 \cdot 10^{-6}$	11,4	Hyperbole
Mutant E111L	$14 \cdot 10^{-6}$	6,5	Hyperbole
Mutant E111A	$204 \cdot 10^{-6}$	17,5	Hyperbole

Réponse B,D

93/ Les données cinétiques de l'ADH pour son substrat l'éthylène glycol, en absence ou en présence d'éthanol, sont représentées ci-dessous;

A. Faux :  $V_{max}$  inchangée,  $K_m$  augmenté : inhibiteur compétitif.

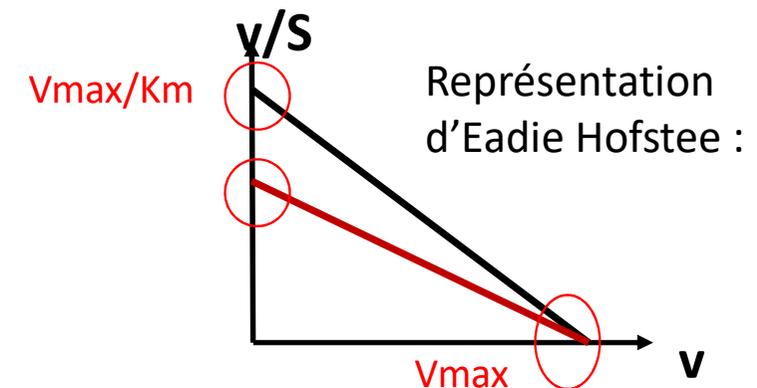
B. Faux : Représentation d'Eadie-Hofstee

C. Faux : intersection de la droite avec l'axe des abscisses.

D. Vrai.

E. Vrai.

Réponse DE



94/

Représentation d'Eadie Hofstee :

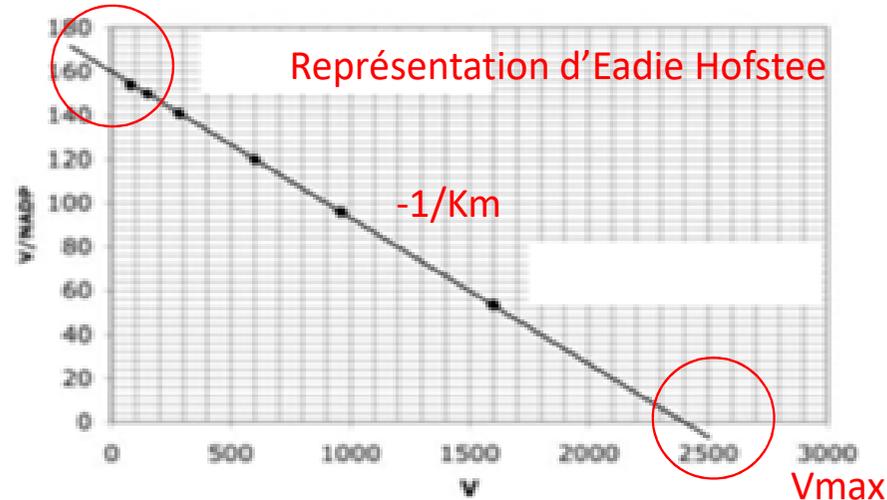
$$V/S=f(V)$$

$$V_{\max} = 2400$$

$$V_{\max}/K_m = 160 ; 2400/K_m = 160$$

$$\text{Donc } K_m=2400/160=15$$

Réponse B, D

 $V_{\max} / K_m$ 

NADP* ( $\mu\text{M}$ )	V (UA)
0	0
0.5	77
1	150
2	282
5	600
10	960
30	1800

95/ La G6PD catalyse l'oxydation du glucose-6-phosphate en 6-phosphogluconate. Cette réaction est couplée à la réduction d'une molécule de NADP+ en NADPH. Pour mesurer l'activité de la G6PD, il convient ;

A. De travailler à une température standardisée et contrôlée

Vrai

B. D'éviter d'introduire du NADH dans le milieu réactionnel

Vrai

C. D'éviter d'introduire du NADPH dans le milieu réactionnel

Vrai

D. De réaliser les mesures en condition de vitesse initiale et pendant un temps bref

Vrai

E. De mesurer la diminution d'absorbance à 340nm

Faux : On peut mesurer l'augmentation d'absorbance à 340nm pour attester de la transformation du NADP+ en NADPH

Réponse A,B,C,D

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME**

V-LIPIDES

96/ Une réaction enzymatique dont la cinétique michaelienne est étudiée grâce à la représentation graphique en double inverse. La courbe 1 représente la variation de  $1/V$  (s.L/mol) en fonction de  $1/S$  (L/ $\mu$ mol) dans un milieu sans inhibiteurs. Donnez les réponses vraies.

A En l'absence d'inhibiteur, l'enzyme est caractérisée par un  $K_m$  de 0,001 mmol/L et une  $V_m$  de 2,5 mol/L/s

Vrai : calculs en noir ci-contre

B La courbe 2 traduit la présence d'un inhibiteur compétitif, la courbe 3 traduit la présence d'un inhibiteur non compétitif

Faux : c'est l'inverse

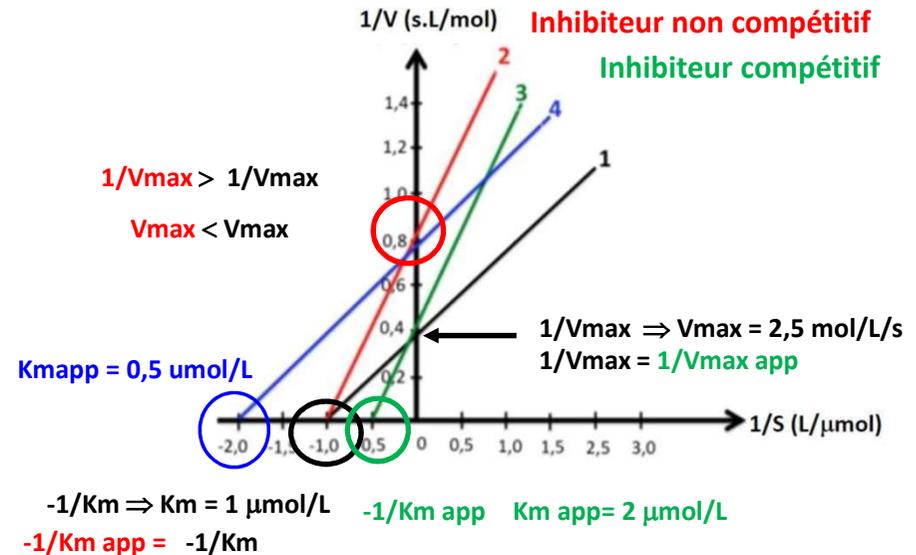
C La courbe 2 traduit la présence d'un inhibiteur non compétitif, la courbe 3 traduit la présence d'un inhibiteur compétitif

Vrai

D La courbe 4 correspond aux conditions dans lesquelles l'affinité de l'enzyme pour le substrat est la plus forte

Vrai : le  $K_m$  est le plus petit en condition 4, ce qui correspond ben à la meilleure affinité E pour S

E Aucune de ces réponses n'est correcte



INHIBITEUR COMPETITIF = courbe 3

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



INHIBITEUR NON COMPETITIF = courbe 2

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

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

97/ L'urée plasmatique est dosée au laboratoire par des automates selon une réaction impliquant une uréase et la glutamate déshydrogénase. Les réactions mises en œuvres sont les suivantes :

1- uréase catalyse :  $\text{urée} + \text{H}_2\text{O} \rightleftharpoons 2\text{xNH}_4^+ + \text{CO}_2$

2- Glu-DH catalyse :  $\text{NH}_4^+ + \text{alpha-cétoglutarate} + \text{NADH,H}^+ \rightleftharpoons \text{Glu} + \text{NAD}^+$

Au temps  $t_0$  du dosage,  $3\mu\text{L}$  de sérum est dilué dans  $277\mu\text{L}$  d'un diluant et l'absorbance à  $340\text{nm}$  est mesurée (DO1). Après une incubation de 60s,  $90\mu\text{L}$  d'un réactif contenant tous les substrats et enzymes est additionné. Deux mesures d'absorbance sont réalisées 60s et 120s après l'ajout du réactif (respectivement DO2 et DO3).

A propos des réactions de ce dosage ;

A. La réaction catalysée par l'uréase est une réaction d'oxydo-réduction

Faux

B. Pour chaque molécule d'urée, 2 molécules d'alpha-cétoglutarate seront consommées

Vrai

C. Il convient d'inclure dans les réactifs un système permettant la régénération du  $\text{NAD}^+$

Faux : Cela déplacerait l'équilibre des réactions en favorisant la réaction 2

D. La variation de DO entre DO2 et DO3 est proportionnelle à la concentration d'urée

Vrai

E. La valeur de DO3 est supérieure à celle de DO2

Faux : On mesure l'absorbance à  $340\text{nm}$ , donc la présence de NADPH, il est transformé en  $\text{NAD}^+$  au cours de la réaction 2 donc l'absorbance va diminuer avec le temps

Réponse B,D

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

98/ La réaction  $\text{glucose} + \text{ATP} \Rightarrow \text{glucose-6-phosphate} + \text{ADP}$  est catalysée dans le foie et le pancréas par la glucokinase ( $K_m = 10\text{mM}$ ) et dans les autres tissus par l'hexokinase ( $K_m = 0,1\text{mM}$ ). La glycémie à jeun est comprise entre 3,5 et 6,1mM ;

A. La glucokinase fonctionne à  $V_{max}$

Faux : La glycémie inférieure au  $K_m$  de la glucokinase donc  $[S] < [E]$  : substrat limitant donc cinétique ordre 1

B. L'hexokinase a une cinétique d'ordre 0

Vrai : La glycémie supérieure au  $K_m$  de l'hexokinase donc  $[S] > [E]$  : substrat en excès donc cinétique ordre 0

C. La glucokinase adapte sa vitesse à la glycémie

Vrai : vitesse en fonction de la concentration en substrat

D. L'hexokinase permet d'assurer un débit constant de G6P même à jeun

Vrai : à  $v = V_{max}$ , pas dépendant de la concentration en substrat

E. La glucokinase permet d'adapter le métabolisme énergétique à la glycémie

Vrai : métabolisme en fonction de la concentration de substrat

Réponse B,C,D,E

99/

A. Vrai.

B. Faux : le principe du dosage va donner des résultats d'augmentation d'absorbance (et non de diminution), et cette augmentation sera en effet proportionnelle à la concentration en substrat initial qui est ici dosé, la créatinine.

C. Faux : Ici on cherche à déterminer une concentration initiale en substrat. La vitesse réactionnelle ne sera donc pas égale à la vitesse maximale, puisqu'ici on ne travaille pas en condition saturante. La vitesse réactionnelle sera proportionnelle à la concentration en créatinine dans le milieu réactionnel = ordre 1.

D. Faux. La sarcosine n'est pas présente de le milieu réactionnel ici en début de réaction. Elle est fournie par l'apport de créatinine que l'on cherche à doser.

E. Vrai. Plus la variation d'absorbance par unité de temps est élevée, plus la concentration initiale en substrat est importante. Or la fonction rénale est d'autant plus altérée que la concentration sanguine en créatinine est élevée.

Réponse AE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

**Enoncé QCM 100 :** La maladie d'Andersen, également appelée glycogénose de type IV, est une maladie héréditaire du métabolisme très rare liée à des mutations du gène GBE1 codant l'enzyme branchante du glycogène (GBE). Ce déficit entraîne la production excessive d'une forme anormale de glycogène, l'amylopectine, qui s'accumule dans les tissus, en particulier le foie et le muscle cardiaque. Les enfants atteints sont normaux à la naissance, mais ne grossissent pas, ont une hypotonie musculaire et deviennent léthargiques. Le foie et la rate augmentent de volume et une insuffisance hépatique se constitue. Le décès survient habituellement avant l'âge de trois ans, par saignement œsophagien ou insuffisance cardiaque. La maladie d'Andersen se transmet sur le mode autosomique récessif, comme la plupart des déficits enzymatiques de la voie du métabolisme du glycogène.

Le diagnostic repose sur la mise en évidence des anomalies biochimiques à biopsie hépatique, contenant du glycogène de structure anormale, et sur la mise en évidence du déficit enzymatique dans le foie, le muscle, les érythrocytes ou les fibroblastes et dans le trophoblaste ou les cellules amniotiques en culture.

Plus de 130 mutants de GBE1 sont actuellement décrits dans la base de données ClinVar comme étant associés à cette maladie, parmi lesquels les mutants suivants, dont l'activité enzymatique a été mesurée pour tester leur fonctionnalité.

Enzyme GBE	Variant	Km ( $\mu\text{mol.L}^{-1}$ )	Kcat ( $\text{s}^{-1}$ )
Sauvage		30,3	158340
Mutant (A)	c.2074G>A (p.Ala692Thr)	29,9	156897
Mutant (B)	c.1883A>G (p.His628Arg)	384,8	148567
Mutant (C)	c.1774G>T (p.Glu592Ter)	1287	53
Mutant (D)	c.993-1G>T (p.?)	31,1	1645

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

Enzyme GBE	Variant	Km ( $\mu\text{mol.L}^{-1}$ )	Kcat ( $\text{s}^{-1}$ )
Sauvage		30,3	158340
Mutant (A)	c.2074G>A (p.Ala692Thr)	29,9	156897
Mutant (B)	c.1883A>G (p.His628Arg)	384,8	148567
Mutant (C)	c.1774G>T (p.Glu592Ter)	1287	53
Mutant (D)	c.993-1G>T (p.?)	31,1	1645

100/ La mesure de l'activité enzymatique des mutants de GBE permet de conclure que ;

**A. Le mutant (A) est probablement bénin**

Vrai : Km et Kcat identique au sauvage

**B. Le mutant (B) présente une affinité augmentée pour le glycogène**

Faux : Km augmenté = Affinité diminuée

**C. Le mutant (C) est probablement pathogénique**

Vrai : Km élevé, Kcat faible

**D. Le mutant (D) conserve une affinité normale pour le glycogène**

Vrai : Km identique

**E. Le mutant (D) conserve une activité catalytique normale**

Faux : Kcat diminuée

**Réponse A,C,D**

I-ACIDES AMINES

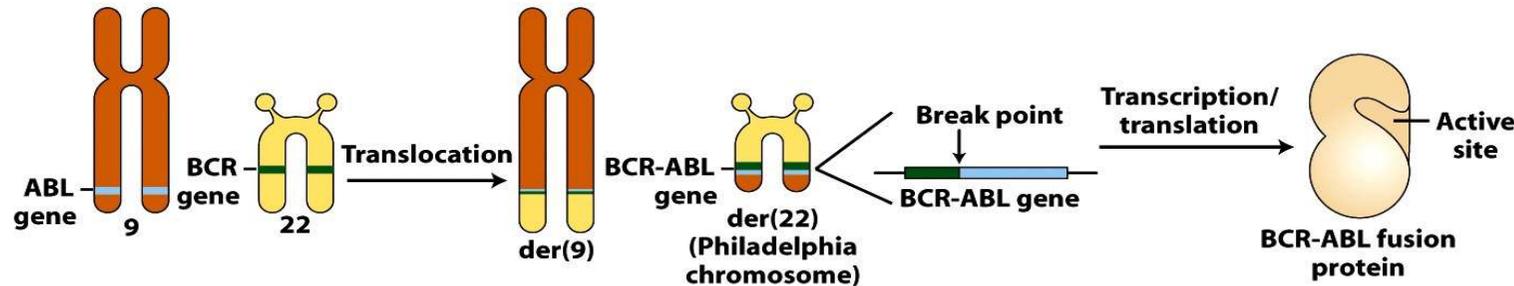
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

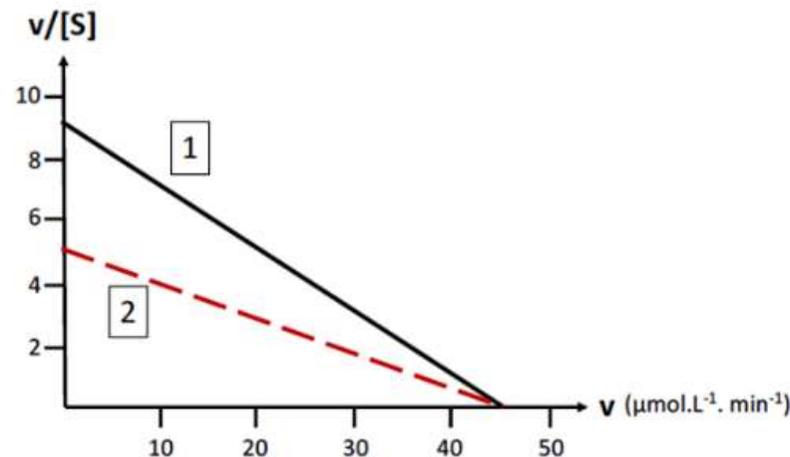
Enoncé QCM 101, 102 : Dans la leucémie myéloïde chronique, la translocation t(9;22) conduit à la fusion du gène de la tyrosine kinase ABL et du promoteur du récepteur des lymphocytes B, le BCR.



La protéine BCR-ABL résultant de cette fusion présente une activité kinase très augmentée, responsable du développement de la leucémie. L'imatinib permet d'inhiber spécifiquement la fonction catalytique de la kinase anormale.

La réaction catalysée est de type : Protéine + ATP  $\rightarrow$  Protéine-phosphate + ADP

La cinétique de cette réaction est mesurée en absence ou en présence de l'imatinib. On obtient les points expérimentaux ci-dessous. Le  $K_m$  apparent est obtenu pour  $[I]=4 \mu\text{mol.L}^{-1}$ .



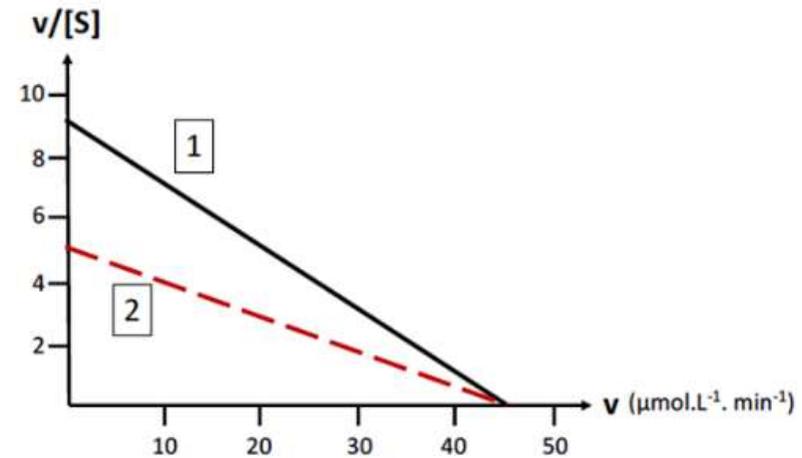
I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES



101/ A partir de ces résultats on peut affirmer que ;

A. L'imatinib est un inhibiteur allostérique de BCR-ABL

Faux : Si allostérique, on obtiendrait pas une droite

B. L'imatinib est un inhibiteur non compétitif de BCR-ABL

Faux :  $V_{\text{max}}$  inchangée,  $K_m$  augmenté = inhibiteur compétitif

C. L'imatinib se fixe sur le site actif de BCR-ABL

Vrai : caractéristique des inhibiteurs compétitifs

D. L'imatinib diminue la vitesse de catalyse de BCR-ABL

Faux

E. L'imatinib diminue l'affinité de BCR-ABL pour l'ATP

Vrai :  $K_m$  augmenté

Réponse C,E

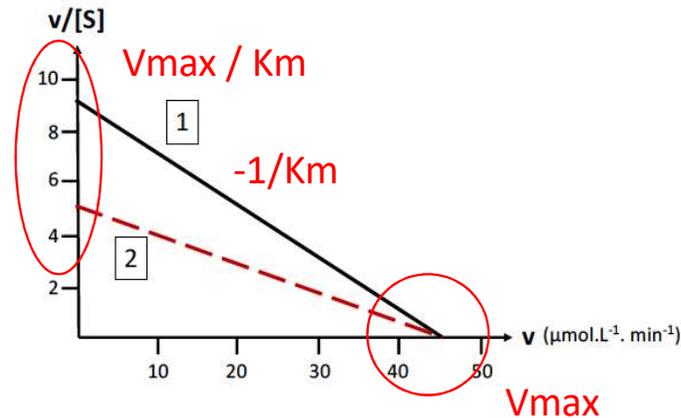
I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES



Le  $K_m$  apparent est obtenu pour  $[I]=4 \mu\text{mol.L}^{-1}$

102/ A partir de cette représentation, on peut calculer que ;

A. La  $v_{\text{max}}$  de BCR-ABL en absence d'imatinib est de  $30 \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$ .

Faux :  $V_{\text{max}} = 45 \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$

B. La  $v_{\text{max}}$  de BCR-ABL en présence d'imatinib est de  $45 \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$ .

Vrai

C. Le  $K_m$  de BCR-ABL en absence d'imatinib est de  $9 \mu\text{mol.L}^{-1}$

Faux :  $V_{\text{max}}= 45$  ;  $V_{\text{max}}/k_m = 9$  ; donc  $45/K_m=9$  ;  $K_m = 5$

D. Le  $K_m$  apparent de BCR-ABL en présence d'imatinib est de  $5 \mu\text{mol.L}^{-1}$

Faux :  $V_{\text{max}}= 45$  ;  $V_{\text{max}}/k_{\text{mapp}} = 5$  ; donc  $45/K_{\text{mapp}}=5$  ;  $K_m$  apparent =  $9$

E. Le  $K_i$  de l'imatinib est de  $5 \mu\text{mol.L}^{-1}$

Vrai :  $K_i = (K_m \times [I]) / (K_m \text{ apparent} - K_m)$  soit  $k_i$  imatinib =  $(5 \times 4) / (9 - 5) = 20/4 = 5 \mu\text{mol/L}$  ou formule directement prise du cours où pour un inhibiteur compétitif :  $KM$  apparent =  $K_m \cdot (1 + [I]/K_i)$ . On remplace avec les paramètres ;  $9 = 5 \cdot (1 + 4/K_i)$  ;  $9 = 5 + 20/K_i$  donc  $9 - 5 = 20/K_i$  ;  $K_i = 20/4 = 5 \mu\text{mol/L}$

Réponse B,E

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

QCMs 103 à 106. 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).

A l'issue de ce clivage on obtient les 2 peptides suivants :

- L'angiotensine II active : Asp-Arg-Val-Tyr-Ile-His-Pro-Phe
- Un dipeptide (correspondant à l'extrémité C-terminale de l'angiotensine I): His-Leu

103/

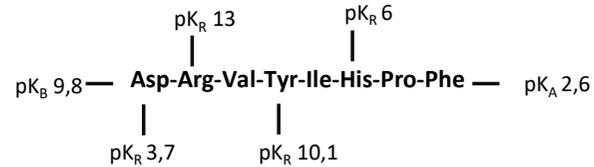
> Séquence de l'angiotensine I avant digestion enzymatique par l'ECA : **D-R-V-Y-I-H-P-F-H-L**

- A) Faux** : Le clivage de l'angiotensine I par la chymotrypsine libère trois peptides : DRVY, IHPF, et HL (coupure après les résidus aromatiques en l'absence de résidu suivant proline).
- B) Faux** : Le clivage de l'angiotensine II par la trypsine libère un dipeptide et un hexapeptide : DR et VYIHPF (coupure après lysine ou arginine en l'absence de résidu suivant proline).
- C) Faux** : Le bromure de cyanogène n'exerce aucun clivage sur l'angiotensine II (absence de résidu méthionine sur la séquence).
- D) Vrai** : L'amino-exopeptidase coupe la première liaison peptidique après le premier résidu à l'extrémité N-terminale. Son action sur l'angiotensine I libère un acide aspartique et un peptide RVYIHPFHL.
- E) Faux** : L'action d'une carboxy-exopeptidase sur l'angiotensine I libère une leucine (a.a. neutre) et un peptide DRVYIHPFH.

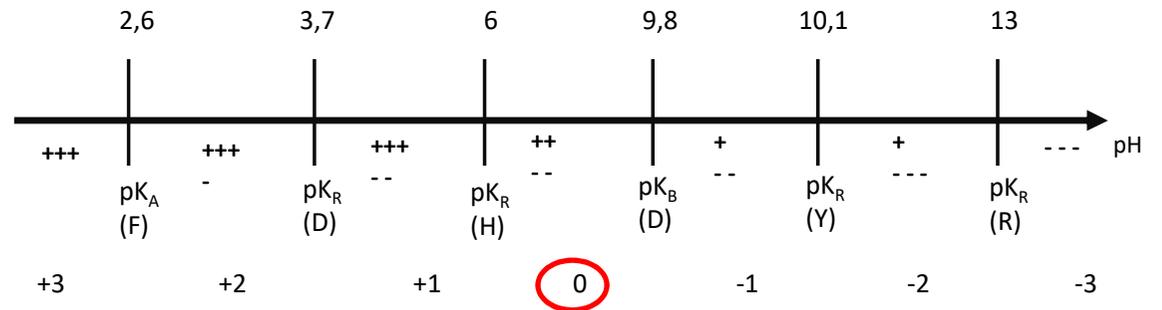
**Réponse D**

104/

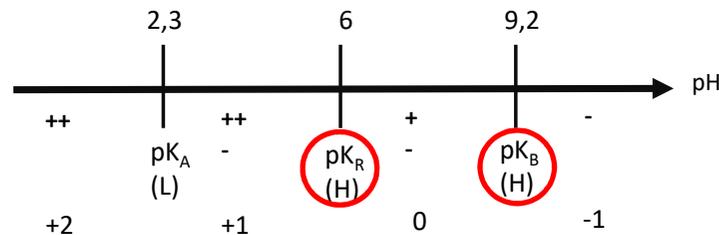
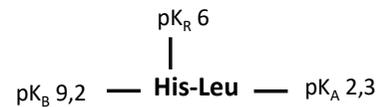
- A** L'angiotensine II est chargée positivement à pH = 6  
Vrai :  $pH < pHi$
- B** L'angiotensine II a une charge globale neutre à pH = 7,9  
Vrai :  $pH = pHi$
- C** L'angiotensine II migre vers la cathode à pH = 9,8  
Faux :  $pH > pHi$  : comporte comme un anion = migre à l'anode
- D** L'angiotensine II est retenue sur un échangeur de cations à pH = 3,9  
Vrai :  $pH < pHi$  : forme cationique, retenu sur colonne échangeuse de cations
- E** L'angiotensine II a un pHi inférieur à celui du dipeptide libéré par l'ECA  
Faux,  $7.9 > 7.6$



Fonctions ionisables:  
 → Fonction amino-terminale  
 → Fonction carboxy-terminale  
 → Fonctions ionisables de chaînes latérales



$pHi = (pK_R (H) + pK_B (D))/2$   
 soit  $pHi = (6+9,8)/2 = 7,9$



$pHi = (pK_R (H) + pK_B (H))/2$   
 soit  $pHi = (6+9,2)/2 = 7,6$

I-ACIDES AMINES

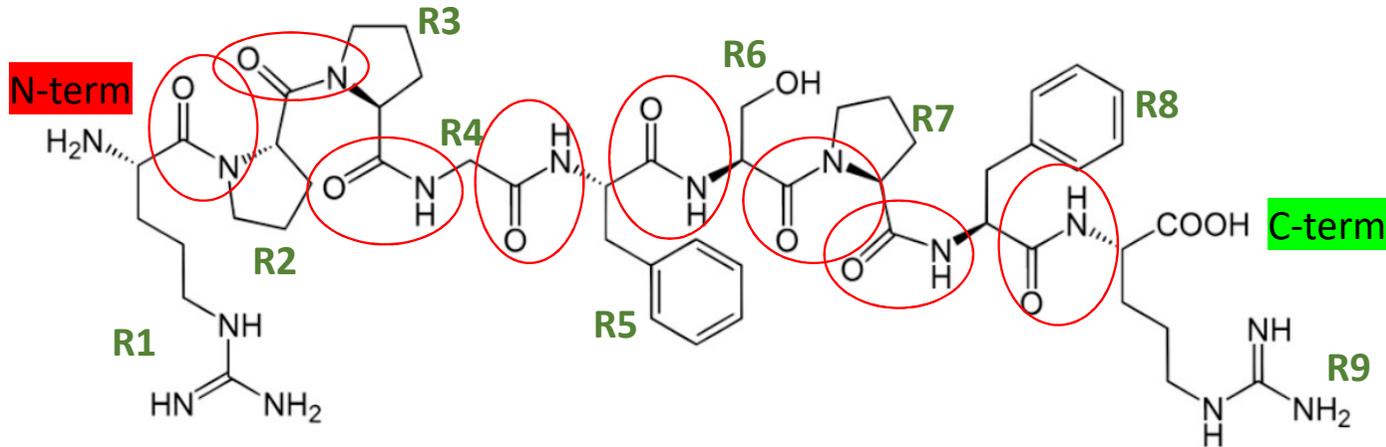
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

107/ Les IEC contrôlent également la tension artérielle en inhibant la dégradation de la bradykinine ci-dessous :



- > Repérage des **liaisons peptidiques** : Détermination du sens **N-term** vers **C-term** et du nombre d'a.a. en présence.
- > Repérage des **chaînes latérales** : Détermination de la nature des résidus acides aminés et de la séquence primaire

Ici : 8 liaisons peptidiques soit 9 résidus acides aminés, que sont :

- R1, R9** = fonction guanidyle = Arginine = R
- R2, R3, R7** = noyau pyrrolidine = Proline = P
- R4** = H (pas de chaîne latérale) = Glycine = G
- R5, R8** = phényl = Phénylalanine = F
- R6** = fonction alcool primaire = Sérine = S

Soit un nonapeptide de séquence **RPPGFSPFR**



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

**III- PROTEINES**

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

**108 à 112 : Sujet Examen Terminal 2021 (albinisme oculo-cutané)**

**113 à 115 : Sujet Examen Terminal 2022 (achondroplasie)**

*Vous reporter à la correction proposée par le tutorat*

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

122/ Indiquez les propositions exactes ;

A. Ce schéma correspond à la glycolyse

Vrai

B. La réaction 5 permet de produire une molécule de NADPH,H<sup>+</sup>

Faux

C. La réaction 1 et 3 consomme une molécule d'ATP

Vrai

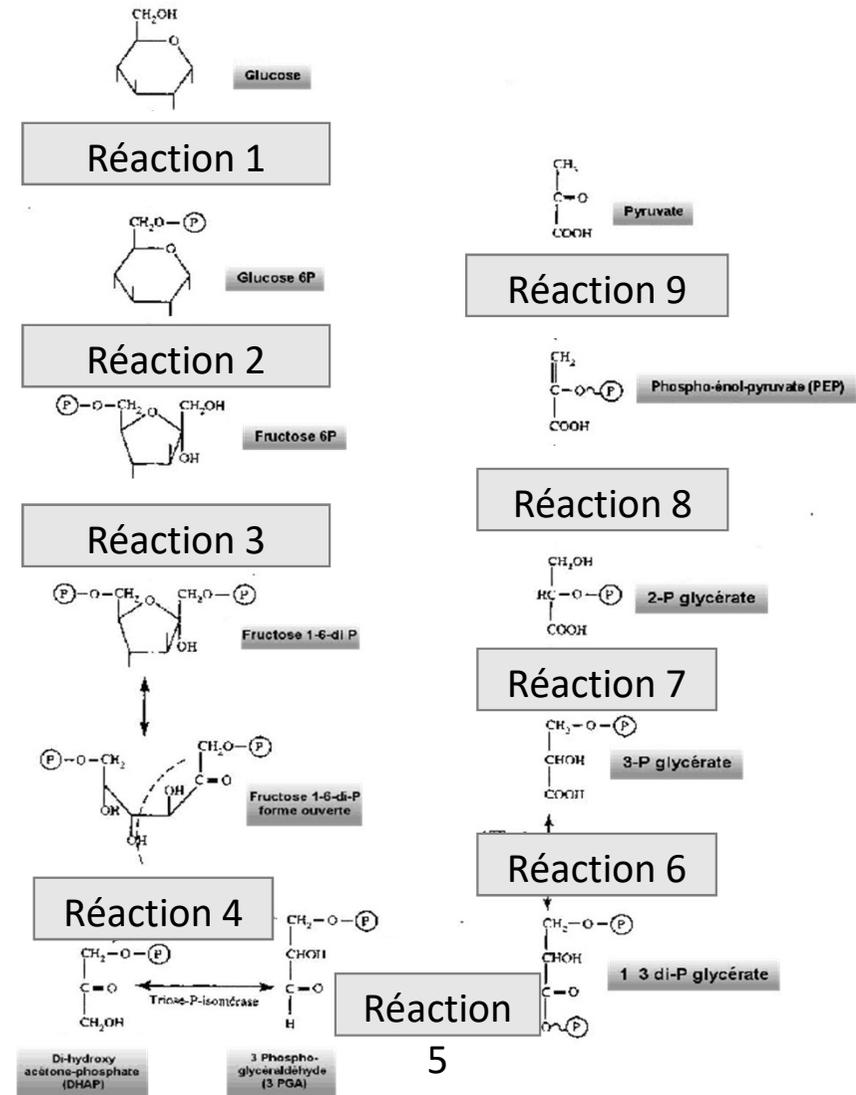
D. La réaction 6 et 9 consomme une molécule d'ATP

Faux

E. La fructose-1,6-biphosphate aldolase est responsable de la scission d'un sucre en C6 en deux molécules en C3 et correspond à la réaction 4

Vrai

Réponse A,C,E



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

123/ Indiquez les propositions exactes ;

A. La néoglucogénèse est la voie inverse de la glycolyse, stimulé par le glucagon

Faux

B. La néoglucogénèse se déroule exclusivement dans le cytoplasme

Faux : la première étape se déroule dans la mitochondrie

C. L'alanine est l'un des principaux acides aminés glucoformateurs

Vrai

D. Le glycérol est un substrat de la néoglucogénèse

Vrai

E. La pyruvate carboxylase transforme le pyruvate en malate

Faux : Transforme le pyruvate en oxaloacétate

Réponse C,D

124/ Parmi les propositions suivantes, indiquer lesquelles sont exactes concernant la glycolyse :

A. Son bilan énergétique en ATP est de 4

Faux : Le bilan énergétique en ATP est de 2. Production de 4 ATP mais consommation de 2 ATP

B. Elle a lieu dans toutes les cellules

Vrai

C. L'ADP est un effecteur allostérique négatif de PFK-1

Faux : l'ADP n'est jamais un effecteur

D. Toutes les réactions productrices d'ATP dans la glycolyse sont irréversibles

Faux : les étapes irréversibles de la glycolyse sont la 1, 3 et 10

E. L'ATP est à la fois un substrat et un effecteur de la phosphofructokinase 1

Faux

Réponse B

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

125/ Parmi les propositions suivantes, indiquer lesquelles sont exactes concernant la néoglucogénèse :

- A. Quand la concentration du glucagon diminue, la glycolyse est ralentie  
Faux
- B. Le glucose entre et sort librement de la cellule.  
Faux
- C. Le glucose 6-phosphate entre et sort librement de la cellule  
Faux
- D. L'acétyl-CoA est un coenzyme du complexe de la pyruvate déshydrogénase  
Faux
- E. Il y a deux réactions d'oxydo-réduction dans la glycolyse  
Vrai

Réponse E

126/ Le lactate ...

- A. est formé par la lactate déshydrogénase (LDH) en présence de NADH,H+  
Vrai
- B. est formé lors de la glycolyse anaérobie  
Vrai
- C. est formé lors de l'exercice intense car la vitesse de formation du NADH,H+ par la glycolyse musculaire est plus faible que celle de son oxydation par le métabolisme aérobie  
Faux : La production par la glycolyse est plus importante que ce que la chaîne respiratoire peut re-oxyder donc c'est reoxydé par la LDH en NAD+
- D. intervient dans la néoglucogénèse où il est transformé en pyruvate dans le cytosol au niveau hépatique  
Vrai
- E. est transformé en pyruvate par l'isoenzyme hépatique de la LDH  
Vrai

Réponse A,B,D,E

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

127/ Le glucagon régule la pyruvate-kinase hépatique :

A. lors du jeûne en augmentant l'AMPc

Vrai

B. en stimulant sa biosynthèse

Faux : il réprime sa synthèse

C. par une régulation allostérique

Faux

D. en augmentant son activité grâce à une phosphorylation

Faux : il réprime son activité en la phosphorylant

E. par une phosphorylation par une protéine-kinase

Vrai

Réponse A,E

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

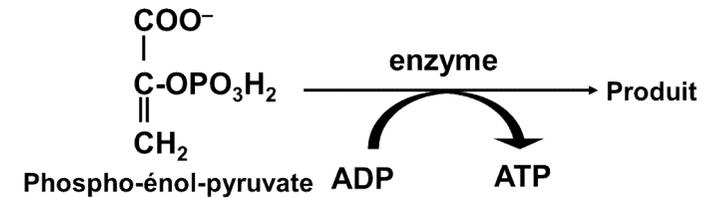
Énoncé commun aux QCM 128 et 129. Soit la réaction métabolique suivante :

128/ A propos de cette réaction, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. C'est une étape de la glycogénolyse  
Faux
- B. L'enzyme sera activée par déphosphorylation  
Vrai
- C. L'ATP est un activateur allostérique de cette étape  
Faux
- D. Le citrate est un activateur allostérique de cette étape  
Faux
- E. La transcription de l'enzyme réalisant cette étape est augmentée par l'insuline  
Vrai

129/ A propos du produit de cette réaction, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. Il peut être obtenu par oxydation du lactate  
Faux
- B. Il peut être obtenu par transamination de l'alanine  
Vrai
- C. Il peut, par une réaction anapérotyque impliquant une carboxylase, donner de l'oxaloacétate  
Vrai
- D. Il peut après déshydrogénation donner l'acétyl-CoA  
Vrai
- E. Il peut par l'intervention d'une kinase redonner du phospho-énol-pyruvate  
Faux



Réponse B,E

Réponse B,C,D

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

130/ A propos du métabolisme énergétique, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. Le glucose peut être métabolisé en lactate dans le muscle lors d'un exercice intense prolongé  
Vrai
- B. Lors d'un jeûne prolongé, l'acétyl-CoA peut réorienter le métabolisme vers la voie de la céto-genèse  
Vrai
- C. L'insuline a une action lipolytique en activant la  $\beta$ -oxydation  
Faux
- D. Quand le niveau énergétique est élevé, l'acétyl-CoA peut permettre la biosynthèse d'acides gras  
Vrai
- E. Le muscle est capable de réaliser de la néoglucogénèse  
Faux

Réponse A,B,D

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

131/ A propos du transport du glucose, cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A) **Vrai:** SGLT-1 est le principal transporteur intestinal du glucose.
- B) **Vrai:** L'insuline augmente l'entrée du glucose dans la cellule musculaire via une régulation positive de l'expression membranaire de GLUT4.
- C) **Faux :** Le globule rouge est une cellule glucodépendante, et l'entrée du glucose dans celle-ci est indépendante du signal insulinique.
- D) **Vrai.**
- E) **Vrai.**

Réponse ABDE

132/ A propos de la régulation de la glycolyse, cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A) **Vrai:** La glucokinase est exprimée essentiellement dans la cellule hépatique, et son expression est régulée positivement par l'insuline. En revanche l'hexokinase est exprimée dans toutes les cellules qui réalisent la glycolyse, et celle-ci exerce une phosphorylation régulée de façon allostérique selon le niveau énergétique de la cellule.
- B) **Faux:** Même justification !
- C) **Faux:** La régulation allostérique de ces enzymes fait intervenir des liaisons faibles, et non covalentes.
- D) **Vrai:** En effet, lorsque le niveau énergétique cellulaire est élevée, l'ATP est présent à fortes concentrations et ce dernier est un inhibiteur allostérique de la PFK1.
- E) **Vrai:** La PFK1 est une enzyme clé de la glycolyse, hautement régulée de façon allostérique par un certain nombre de composés témoignant du niveau énergétique élevé de la cellule : l'ATP, le citrate (produit du cycle de Krebs), ou le cofacteur réduit NADH sont des inhibiteurs allostériques de PFK1.

Réponse ADE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

### 133/ Le glucagon régule la pyruvate-kinase hépatique :

- A) **Vrai:** Le glucagon (hormone sécrétée en période inter-prandiale/réponse au jeûne) se fixe à son récepteur couplé aux protéines G (RCPG) et a pour effecteur secondaire l'AMP cyclique et la protéine kinase A. Cette dernière inactive la Pyruvate-kinase (PK) par phosphorylation.
- B) **Faux :** Comme vu précédemment la mode de régulation de la PK par le glucagon passe par une inactivation de l'enzyme par phosphorylation, et non une régulation génique.
- C) **Faux :** Même justification !
- D) **Faux :** Comme vu précédemment, le glucagon réalise une régulation négative de l'activité de la PK, étant donné que la glycolyse doit être inhibée en période interprandiale (en faveur de la néoglucogenèse).
- E) **Vrai,** il s'agit de la protéine kinase A.

Réponse AE

### 134/ En cas de jeûne:

- A) **Vrai:** En réponse au jeûne, la lipolyse et la beta-oxydation des acides gras sont des voies métaboliques stimulées, dans le but de produire de l'ATP.
- B) **Faux:** En réponse au jeûne, les acides aminés sont orientés vers la production de pyruvate et la néoglucogenèse : leur groupement amine primaire est éliminé sous forme d'urée, et leur squelette carboné est recyclé pour mener au glucose.
- C) **Vrai:** En réponse au jeûne, l'activité phosphofructokinase-2 est moindre, et l'activité fructose-bis-phosphatase est forte (l'enzyme PFK2/FBP2 est sous forme phosphorylée, sous l'action du glucagon et de son effecteur secondaire la protéine kinase A). Ainsi, la synthèse de F-2,6-bP diminue, ce qui est en faveur d'une stimulation de la néoglucogenèse et une inhibition de la glycolyse.
- D) **Faux:** Même justification !
- E) **Vrai:** C'est la résultante du signal du glucagon : la pyruvate kinase et la PFK-1 (enzymes de la glycolyse) sont peu actives, en revanche la F-1,6-bPase (enzyme de la néoglucogenèse) est fortement active.

Réponse ACE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

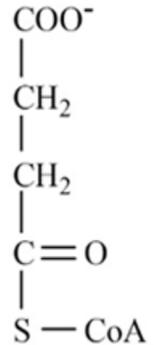
III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

135/ A propose de la molécule suivante :

- A) **Vrai**: Il s'agit du **succinyl-coenzyme A**.
- B) **Vrai** : Elle formée dans le cycle de Krebs à partir de l'alpha-cétoglutarate par l'action de l'enzyme alpha-cétoglutarate déshydrogénase qui réalise une décarboxylation oxydative en présence de cofacteur NAD<sup>+</sup> oxydé et de coenzyme A.
- C) **Faux** : Il y a d'abord synthèse de succinate et libération de coenzyme A par la succinyl-CoA synthétase, également appelée succinate thiokinase, puis ensuite formation du fumarate à partir du succinate.
- D) **Vrai** : Même justification !
- E) **Faux**: Le cycle de Krebs comprend trois étapes aux bilans enthalpiques négatifs (=exergoniques) et donc irréversibles : il s'agit des étapes de formation du citrate, de l'alpha-cétoglutarate, et du succinyl-CoA. L'étape de formation du succinate n'en fait pas partie.



Réponse ABD

136/ A propos de la chaîne de transport des électrons :

- A) **Faux**: Quatre complexes seulement.
- B) **Faux**: Les étapes successives de la chaîne respiratoire mitochondriale concourent au maintien d'un gradient de protons entre l'espace intermembranaire et la membrane mitochondriale. L'ATP synthétase, enzyme finale, comprend une sous-unité qui est un canal membranaire qui permet la diffusion passive des protons en son sein, et cette étape est fournisseuse d'énergie pour la production de molécules d'ATP.
- C) **Vrai**: Les électrons fournis par le NADH,H<sup>+</sup> mènent à 3 ATP produits, tandis que les électrons fournis par le FADH<sub>2</sub> mènent à 2 ATP produits seulement.
- D) **Faux**: Même justification !
- E) **Vrai**: Cette étape de formation d'eau est réalisée par le complexe IV, la cytochrome C oxydase.

Réponse CE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

**137/ A propos de la gluconéogenèse :**

- A) **Vrai:** En effet, l'insuline et le glucagon ont des effets opposés sur l'activation ou l'inhibition de la voie de la gluconéogenèse, et la résultante en période de jeûne et en période postprandiale sont contraires.
- B) **Faux:** L'apport alimentaire de glucose représente une quantité importante d'énergie disponible, et alors le rapport insuline/glucagon est élevé. Dans cette situation, la glycolyse est fortement active, mais la gluconéogenèse est inhibée.
- C) **Vrai:** Comme vu à la correction du QCM 122, la situation où le rapport insuline/glucagon est en faveur du glucagon conduit à la phosphorylation par la voie AMPc/PKA de la Pyruvate kinase, qui ainsi est inactivée. Cela permet de réorienter le pyruvate vers la formation d'oxaloacétate et enfin vers la gluconéogenèse.
- D) **Vrai :** L'alanine est le plus important acide aminé glucoformateur.
- E) **Faux:** En termes d'homéostasie énergétique, l'acétyl-CoA peut soit intégrer le cycle de Krebs pour produire de l'énergie, soit être utilisé comme substrat pour la formation d'acides gras, ou celle de corps cétoniques. La formation de glucose à partir d'acétyl-CoA est impossible (la gluconéogenèse n'est PAS l'inverse de la glycolyse !)

Réponse ACD

**138/ A propos de la voie anabolique des acides gras et des triglycérides, cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :**

- A) **Faux:** L'acétyl-CoA carboxylase catalyse la première étape de transformation de l'acétyl-CoA en malonyl-CoA, avant que n'intervienne l'acide gras synthase (FAS).
- B) **Faux:** Condensation, réduction, DEShydratation, réduction.
- C) **Faux.**
- D) **Vrai:** Deux sous-unités identiques d'environ 250kDa.
- E) **Vrai:** Elle concentre en une protéine un total de 7 activités enzymatiques.

Réponse CE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

**139/ A propos de la biosynthèse des corps cétoniques, cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :**

- A) Faux :** Un rapport insuline/glucagon élevé est à la faveur de la production mitochondriale d'ATP et la formation de réserve, ce qui oriente l'acétyl-CoA vers le cycle de Krebs ou la synthèse d'acides gras. En revanche quand le rapport est faible, le glucagon stimule la production de corps cétonique en plus de la gluconéogenèse.
- B) Faux:** Même justification !
- C) Vrai:** Obtention d'HMG-CoA à partir d'acétoacétyl-CoA grâce à cette enzyme.
- D) Vrai :** Comme vu dans l'item A.
- E) Faux:** Elle a lieu dans la cellule hépatique, et plus précisément dans sa mitochondrie.

**Réponse CD**

**140/ Concernant le glucagon, quelles sont la ou les réponses exactes ?**

- A) Faux:** Le glucagon est une hormone hyperglycémiant.
- B) Vrai :** Le glucagon stimule la néoglucogenèse et inhibe la glycolyse en période de jeûne.
- C) Vrai :** Le récepteur du glucagon est un récepteur à 7 domaines transmembranaires couplé aux protéines G
- D) Faux:** Confère correction item B.
- E) Vrai:** La voie AMPc/PKA est la voie de signalisation à laquelle est couplée le récepteur du glucagon. L'augmentation de l'AMPc cytosolique est à l'origine des effets du glucagon sur le métabolisme cellulaire (inactivation enzymatique, régulation génique).

**Réponse BCE**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

**141/ Concernant le pyruvate, cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes. Il est converti en... :**

- A) Vrai :** Il s'agit de la première étape enzymatique de la voie de fermentation lactique anaérobie dans laquelle s'engage le pyruvate en situation d'hypoxie cellulaire.
- B) Faux :** Il s'agit en effet d'une conversion de pyruvate en oxaloacétate dans la voie de la néoglucogénèse, mais celle-ci est hépatique et non musculaire.
- C) Faux :** La pyruvate kinase catalyse une étape irréversible de la glycolyse qui produit du pyruvate à partir de phospho-énol-pyruvate (et non l'inverse).
- D) Vrai :** Après un repas, la glycolyse est active pour transformer le glucose en pyruvate et orienter vers la production d'énergie ou la formation de réserve selon le niveau énergétique.
- E) Faux :** La pyruvate décarboxylase convertit le pyruvate en acétaldéhyde.

**Réponse AD**

**142/ A propos de la chaîne respiratoire, quelles sont la ou les réponses exactes ?**

- A) Faux:** La chaîne respiratoire s'opère sur la membrane interne de la mitochondrie.
- B) Faux :** Les électrons sont fournis par le NADH et non le NADPH. Ils sont transportés successivement par les complexes I à IV vers le dioxygène grâce à un gradient de protons. Le transfert de protons (charge +) et d'électrons (charge -) maintient l'électroneutralité des milieux, et permet d'opérer les réactions d'oxydoréduction en chaîne.
- C) Faux :** Attention, le cyanure agit comme inhibiteur du complexe IV qui est une cytochrome c oxydase et non une réductase.
- D) Vrai.**
- E) Vrai:** C'est le principe de l'action antibiotique de ce composé qui est utilisé comme médicament.

**Réponse DE**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

143/ A propos de l'acétyl-CoA, quelle(s) est (sont) la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes ?

- A) **Faux** : Le rendement complet pour un acide gras saturés à n carbones est de  $n/2$  molécules d'acétyl CoA, soit 8 acétyl-CoA pour un palmitoyl-CoA.
- B) **Faux**: La conversion d'acétyl-CoA en malonyl-CoA est la première étape de la synthèse des acides gras qui a lieu dans le cytoplasme.
- C) **Vrai**: Lors du jeûne prolongé, l'oxaloacétate est orienté vers la néoglucogénèse, ce qui limite sa disponibilité pour intégrer avec l'acétyl-CoA le cycle de Krebs. Dans ce cas, l'acétyl CoA est plutôt orienté vers la production de corps cétoniques. Réponse CD
- D) **Vrai** : Comme vu dans l'item B.
- E) **Faux**: Après un repas, l'organisme dispose d'une quantité suffisante d'énergie (apport de glucose, et rapport insuline/glucagon élevé). Dans cette situation la néoglucogénèse est inhibée, en revanche la glycolyse est active et l'acétyl-CoA intègre plutôt le cycle de Krebs.

144/ Concernant l'oxaloacétate, quelles sont la ou les réponses exactes ?

- A) **Vrai**.
- B) **Vrai** : C'est la première étape enzymatique qui démarre le cycle de Krebs.
- C) **Vrai** : Et ce en successivement trois étapes enzymatiques : succinate → fumarate → malate → oxaloacétate.
- D) **Faux**: La phosphofructokinase 1 possède de nombreux effecteurs allostériques, dont un intermédiaire du cycle de Krebs: le citrate.
- E) **Vrai**. Réponse ABCE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

**IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**

V-LIPIDES

145 à 154 / ET PASS 2022, stéroïdes, métabolisme,

**En cours**



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

157/ On considère les 5 acides gras suivants: 1) Acide Myristique; 2) Acide Oléique; 3) Acide palmitique; 4) Acide arachidonique; 5) Acide stéarique. Si l'on souhaite classer ces acides gras par ordre de point de fusion croissant, quelle combinaison parmi celles proposées ci-dessous est la bonne?

- A) 1, 3, 2, 4, 5
- B) 4, 3, 1, 2, 5
- C) 2, 5, 1, 4, 3
- D) 4, 2, 1, 3, 5

Vrai : point de fusion augmente avec le nombre de carbone et diminue avec le nombre de double liaisons

- E) 5, 3, 1, 4, 2

1- Acide myristique 14:0

2- Acide oléique (18:1)<sup>Δ9</sup>

3- Acide palmitique 16:0

4- Acide arachidonique (20:4)<sup>Δ5,8,11,14</sup>

5- Acide Stearique 18:0

Réponse D

158/ Parmi les propositions suivantes relatives aux lipides, lesquelles sont vraies?

A) L'acide oléique, l'acide linoléique et l'acide linoléique sont des acides gras essentiels

Faux, seul l'acide oléique, qui peut être synthétisé par l'organisme, n'est pas un acide gras essentiel

B) Les acides linoléiques et linoléique sont présents en quantité notable dans les huiles végétales

Vrai, les huiles végétales sont riches en acides gras insaturés, et en particulier riches en acides linoléiques et linoléiques

C) Les lysoglycerophospholipides sont des intermédiaires du métabolisme lipidique

Vrai

D) Les lipides plasmatiques complexes circulent dans le plasma liés aux apolipoprotéines formant ainsi des lipoprotéines

Vrai

E) Les chylomicrons, d'origine intestinale, sont des lipoprotéines riches en triglycérides.

Vrai

Réponse B,C,D,E

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

159/ Sélectionner la (ou les) proposition(s) qui s'applique(nt) au composé ayant la formule ci-contre ;

A) Il s'agit d'une molécule de phosphatidylcholine

Faux, au niveau du C1 du glycérol, on a un alcool gras insaturé et non un acide gras, et donc une liaison éther (et non ester) entre cet alcool gras et le C1 du glycérol

B) C'est un plasmalogène

Vrai, on a bien un alcool gras insaturé à la place d'un acide gras

C) La phospholipase A1 peut libérer par hydrolyse de ce composé une molécule d'acide oléique

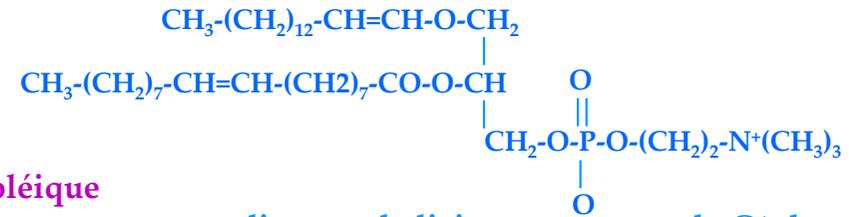
Faux, car la phospholipase lipase A1 ne peut pas cliver les liaison éther, et cette enzyme ne clive que la liaison ester entre le C1 du glycérol et la chaîne d'acide gras estérifiée sur ce C1

D) C'est un glycerophospholipide

Vrai

E) La phospholipase D peut libérer par hydrolyse de ce composé une molécule de choline

Vrai



Réponse B,D,E

160/ Parmi les propositions suivantes, laquelle (lesquelles) est (sont) exacte(s)?

A) L'indice de saponification correspond à la quantité de potasse, exprimée en g, nécessaire pour saponifier 1g de matière grasse

Faux, exprimé en mg

B) L'hydrogénation des doubles liaisons d'un acide gras insaturé en présence d'un catalyseur entraîne une augmentation de son point de fusion, ce qui permet de rendre solide les graisses végétales

Vrai. L'hydrogénation permet de transformer un acide gras insaturé en un acide gras saturé. Comme le point de fusion diminue lorsqu'il y a des insaturations, de le fait de transformer un acide gras insaturé en un acide gras saturé, on va augmenter son point de fusion

C) L'acide palmitique est un acide gras à 18 carbones

Faux, l'acide palmitique est un acide gras à 16 atomes de carbone

D) Le point de fusion d'un acide gras est d'autant plus élevé que les doubles liaisons de sa chaîne hydrocarbonée sont plus nombreuses

Faux, les insaturations diminuent le point de fusion

E) L'huile de Colza est une excellente source alimentaire d'acides gras saturés

Faux, l'huile de colza est riche en acides gras insaturés de la famille des  $\omega$ 3.

Réponse B

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

161/ Soit une phosphatidylserine composée en C1 de l'acide stéarique et en C2 de l'acide arachidonique. Parmi les affirmations suivantes, indiquer la (les) bonne(s) réponse(s):

A) Sous l'action de la phospholipase A1, un lysophospholipide et l'acide arachidonique sont libérés

Faux, il sera libéré l'acide stéarique et un lysophospholipide

B) Sous l'action de la phospholipase A2, un lysophospholipide et un acide gras polyinsaturé sont libérés

Vrai

C) La phospholipase A2 permet la libération d'un précurseur pour la synthèse des prostaglandines de la série 2

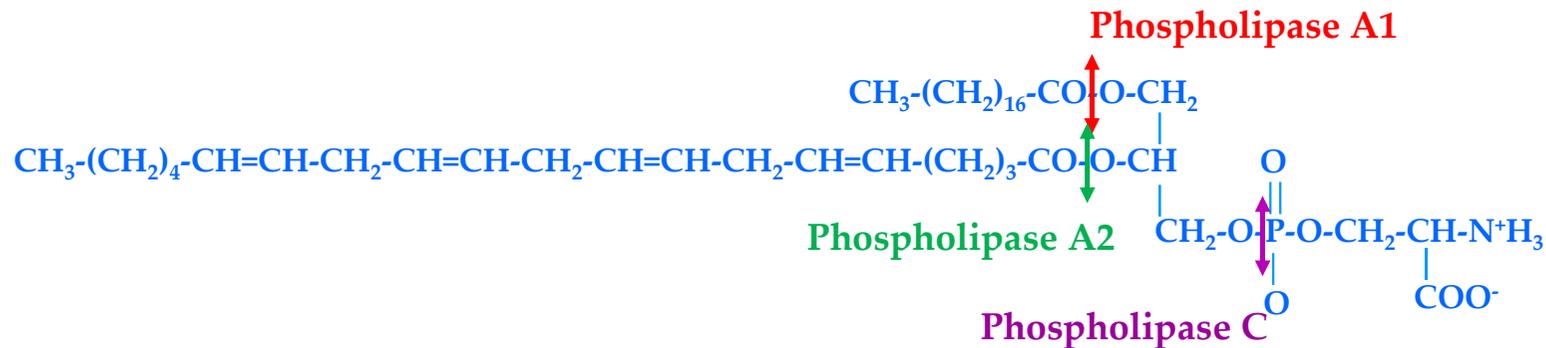
Vrai. Il est libéré de l'acide arachidonique qui est précurseur pour la synthèse des prostaglandines de la série 2

D) Sous l'action de la phospholipase C, un lysophospholipide et une sérine sont libérés

Faux il sera libéré une phosphosérine et non une sérine

E-) La Phosphatidylserine est essentiellement présente au niveau du feuillet interne de la membrane cellulaire

Vrai



Réponse B,C,E

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

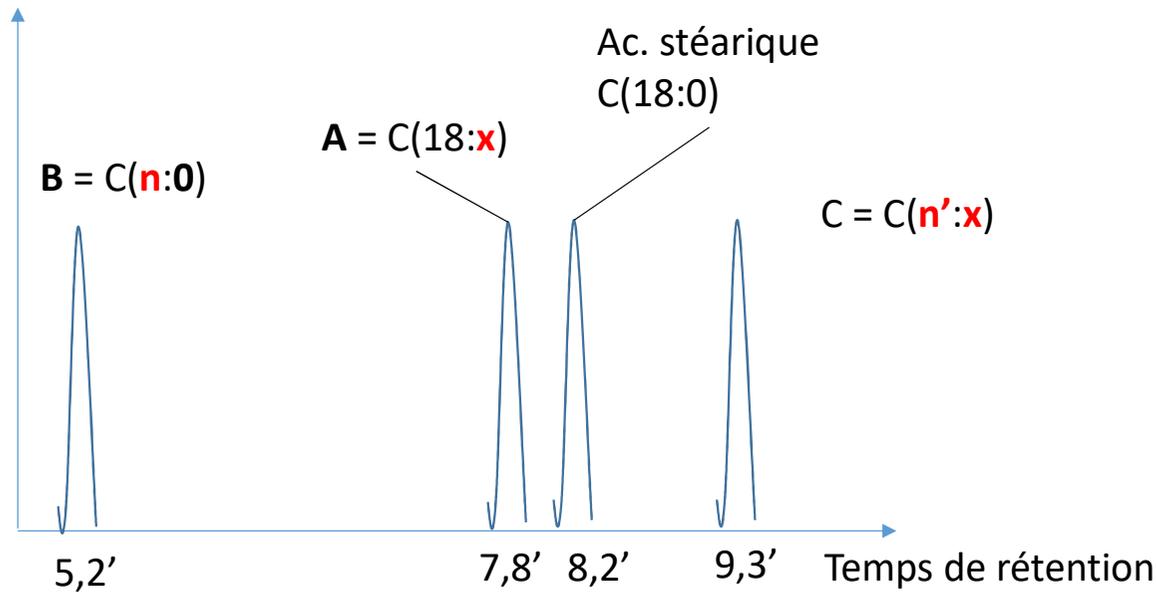
IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

•162/ Le tableau suivant présente les valeurs de température de fusion et les temps de rétention en chromatographie en phase liquide à haute performance (HPLC) de différents acides gras. X et Y sont des valeurs manquantes. On vous indique les éléments suivants :

- L'acide gras A est un acide gras de 18 carbones
- L'acide gras B ne comporte aucune insaturation
- L'acide gras C a le même nombre d'insaturation que l'acide gras A

Acide gras	température de fusion (°C)	Temps de rétention en HPLC (Minutes)
Acide Stéarique	X	8,2
A	-5	7,8
Acide Oléique	13,4	Y
B	58,8	5,2
C	2	9,3



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

•162/ Le tableau suivant présente les valeurs de température de fusion et les temps de rétention en chromatographie en phase liquide à haute performance (HPLC) de différents acides gras. X et Y sont des valeurs manquantes. On vous indique les éléments suivants :

- L'acide gras A est un acide gras de 18 carbones
- L'acide gras B ne comporte aucune insaturation
- L'acide gras C a le même nombre d'insaturation que l'acide gras A

Acide gras	température de fusion (°C)	Temps de rétention en HPLC (Minutes)
Acide Stéarique	X	8,2
A	-5	7,8
Acide Oléique	13,4	Y
B	58,8	5,2
C	2	9,3

A) L'acide gras B peut être l'acide arachidonique :

Faux. Avec 0 insaturation, l'AG B ne peut pas être l'acide arachidonique C(20:4).

B) X est inférieur à 58,8.

Faux. Avec 0 insaturation, l'AG B sort à un Tr plus précoce que l'acide stéarique (18:0) en HPLC. Ainsi il est moins apolaire (plus polaire) que lui et a forcément une chaîne carbonée plus courte soit moins de 18 carbones.  $n < 18$   
On peut donc conclure que l'acide stéarique aura une température de fusion plus haute que celle de B, et donc que X est supérieure à 58,8° C.

C) Y peut être égal à 8 minutes:

Vrai. Le nombre d'insaturations de A est au moins supérieur ou égal à 2, étant donnée sa température de fusion qui est plus basse que celle de l'acide oléique (18:1), et que l'on sait par énoncé que A a 18 carbones.  $x \geq 2$

On a donc un 18:0 (l'acide stéarique) avec un Tr à 8,2 min et un AG gras A avec un Tr à 8,2 min. L'acide oléique sera forcément élué de la colonne après l'acide gras A et avant l'acide stéarique. Ce qui lui fait un Tr compris entre 7,8 et 8,2 min.  
 $7,8 < Y < 8,2$

D) A peut être l'acide linoléique

Vrai. En effet, nous avons conclu que l'AG A a une structure compatible avec C18:2 (au moins 2 insaturations et 18 carbones).

E) C peut être l'acide linoléique

Faux. C a forcément plus de 18 carbones puisqu'avec autant d'insaturation que l'AG A (énoncé), il est élué à un temps plus tardif que lui en HPLC.  $n' > 18$

Réponse CD

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

**V-LIPIDES**

163/

- A. **Vrai.**
- B. **Faux.** Les membranes mitochondriales, lysosomales, .... ou d'autres organites cellulaires ont des compositions qui diffèrent.
- C. **Vrai.** En effet, la protéine Gq est couplée à la phospholipase C qui, en présence de ligand fixé au récepteur, va cliver un phosphatidylinositol triphosphate (PIP3) et libérer l'inositol 3-phosphate seul qui agit comme second messager.
- D. **Vrai**
- E. **Faux.** Les eicosanoïdes sont produits par l'action de la phospholipase A2 libérant l'acide arachidonique.

**Réponse ACD**

164/

- A. **Faux.** La micellisation des lipides en solution aqueuse réduit les interactions entre les chaînes carbonées des molécules lipidiques et l'eau.
- B. **Faux.** Le caractère amphiphile n'a pas de lien fonctionnel avec le rôle de second messager.
- C. **Vrai**
- D. **Faux.** C'est l'inverse, la fluidité réduit avec la longueur de chaîne carbonée, et augmente avec le degré d'insaturation.
- E. **Faux.** Il en existe bien d'autre: l'AMP cyclique, les kinases, ...

**Réponse C**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

**V-LIPIDES**

- 165/ **A. Vrai.** 1 est un sphingolipide de type sphingophospholipide (sphingomyéline). 2 est un acide biliaire qui est un dérivé du cholestérol. 3 est un eicosanoïde. 4 est un glycérophospholipide.
- B. Faux.** Il s'agit de l'acide cholique, mais sa synthèse qui dérive du cholestérol est tout à fait différente de la synthèse des hormones stéroïdes.
- C. Vrai.** La phospholipase A2 clive la liaison ester formée sur la fonction alcool du carbone 2 du glycérol d'un glycérophospholipide, et en libère l'AG. A savoir ici un acide linoléique (acide cis,cis-9,12-octadécadiénoïque), qui a donc une température de fusion inférieure à celle du stéarique (c(18:0)), car il a un degré d'insaturation supérieure.
- D. Faux.** C'est également le cas du lipide 1
- E. Faux.** Les eicosanoïdes dérivent de l'acide arachidonique qui est un acide gras à 20 carbones, 4 insaturations, mais de la série des oméga 6.

166/

**Réponse AC**

**A) L'action de la phospholipase C sur un phosphatidylinositol libère par hydrolyse un second messager jouant un rôle clef dans les voies de signalisation intracellulaire**

Vrai, on a libération d'inositoltriphosphate (I3P) qui a un rôle de second messager dans les voies de signalisation

**B) La partie hydrophobe des sphingolipides est composée d'un acide gras uni à une amine à longue chaîne, la sphingosine**

Vrai

**C) Les phospholipases A peuvent libérer l'acide gras lié en C1 des plasmalogènes**

Faux car dans les plasmalogènes, la molécule liée au C1 du glycérol n'est pas un acide gras mais un alcool gras qui est lié via une liaison éther et non une liaison ester. Et les phospholipases ne peuvent hydrolyser que les liaisons ester

**D) La phospholipase A1 hydrolyse la liaison ester secondaire en C1 des glycérophospholipides**

Faux car la liaison ester est primaire et non secondaire en C1 des glycérophospholipides

**Réponse A,B**

**E) Le groupement polaire des sphingolipides est lié à la sphingosine par une liaison amide**

Faux car les sphingolipides ont bien une liaison amide mais celle-ci est formée au niveau de l'acide gras positionné sur l'atome d'azote porté par le C2, il ne s'agit donc pas d'un groupement polaire. Le groupement polaire des sphingolipides se fixe sur la fonction OH portée par le C1

167/ Un mélange de lipides est constitué des 5 lipides suivants :

1. palmitate de cholestérol
2. cholestérol
3. 1,2,3-trihexadécanoyl-sn-glycérol
4. phosphatidylcholine
5. 2-octadécanoyl-sn-glycérol

Ce mélange est déposé sur une colonne de silice puis élué par des solvants de plus en plus polaire. Parmi les propositions ci-dessous, indiquer celle qui correspond aux lipides par ordre de Rf décroissant.

- A. 5, 4, 2, 3, 1
- B. 2, 3, 4, 5, 1
- C. 1, 2, 5, 4, 3
- D. 3, 5, 4, 2, 1
- E. 1, 3, 2, 5, 4

Les lipides sont élués du plus apolaire au moins apolaire

→ Lipide le plus apolaire: élué en 1er

→ Lipide le plus polaire: élué en dernier

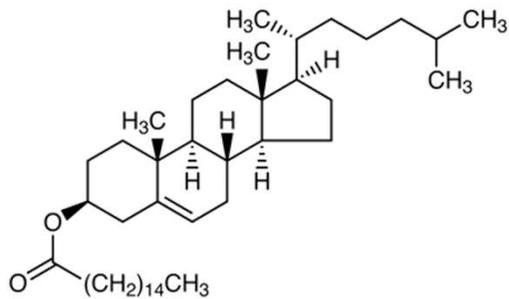
Caractéristiques structurales qui influent sur le caractère apolaire des lipides

↗ nombre atome carbone: ↗ caractère apolaire

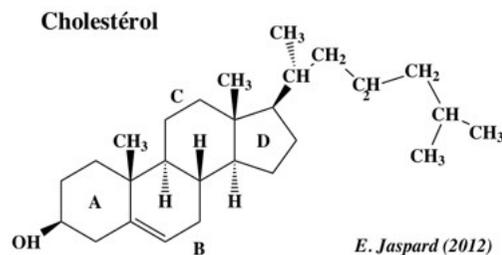
↗ nombre d'insaturation: ↘ caractère apolaire

Présence charges: ↗ caractère polaire

Vrai

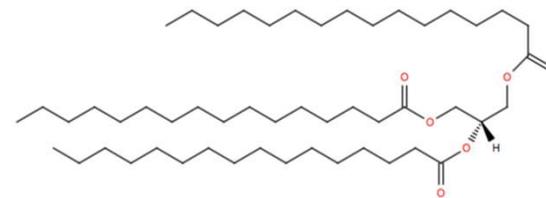


Palmitate de cholestérol

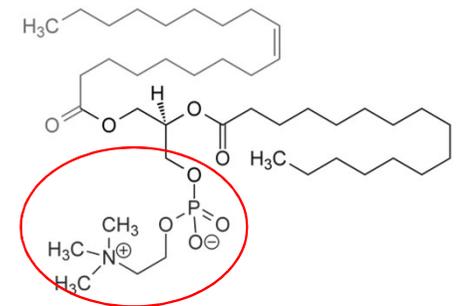


Cholestérol

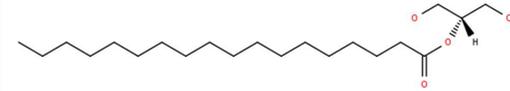
E. Jaspard (2012)



1,2,3-trihexadécanoyl-sn-glycérol



Phosphatidylcholine



2-octadécanoyl-sn-glycérol

Réponse E

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

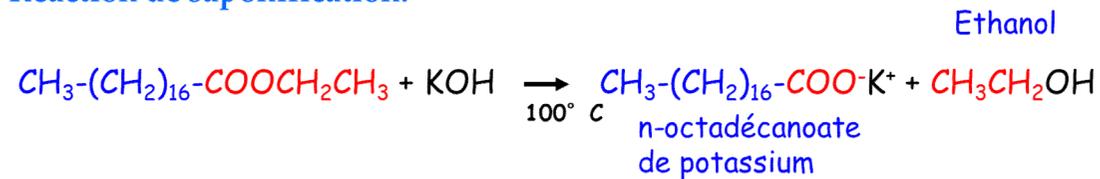
168/ Quelle est la valeur de l' indice de saponification de l' ester éthylique de l' acide stéarique. Pour rappel, les masses molaires usuelles sont:  
H:1 g.mol<sup>-1</sup> ; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

- A) 0  
B) 146,8  
C) 312  
D) 179.5  
E) 126

$I_s$  : masse de KOH en mg nécessaire pour saponifier pour 1 g d' ester d' AG

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

Réaction de saponification:



Réaction stœchiométrique : n mole de KOH pour n mole d' ester d' AG

$$n_{\text{KOH}} = n_{\text{ester}}$$

$$\text{Donc } n_{\text{KOH}} = n_{\text{ester}} = \frac{m_{\text{ester}}}{M_{\text{ester}}}$$

$$m_{\text{KOH}} = n_{\text{ester}} M_{\text{KOH}} = \frac{m_{\text{ester}}}{M_{\text{ester}}} M_{\text{KOH}}$$

$$m_{\text{ester}} = 1 \text{ g}$$

$$M_{\text{ester}} = ?$$

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

**V-LIPIDES**

168/ Quelle est la valeur de l' indice de saponification de l' ester éthylique de l' acide stéarique. Pour rappel, les masses molaires usuelles sont:  
H:1 g.mol<sup>-1</sup> ; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

- A) 0
  - B) 146,8
  - C) 312
  - D) 179.5
  - E) 126
- Vrai

Ester éthylique de l' acide stéarique:  $\text{CH}_3\text{-(CH}_2\text{)}_{16}\text{-COOCH}_2\text{CH}_3$

$$M_{\text{ester}} = (12 \times 20) + (16 \times 2) + (1 \times 40) = 312 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$m_{\text{KOH}} = \frac{1 \text{ g}}{312 \text{ g.mol}^{-1}} \times 56 \text{ g.mol}^{-1} = 0,1795 \text{ g}$$

**Indice de saponification : 179,5**

**Réponse D**

169/ On a isolé un composé lipidique à partir d'un échantillon biologique: c'est un ester glycérique (un seul acide gras est estérifié sur le glycérol en position 2). Après saponification, il y a libération de glycerol et de sels de potassium d'un acide gras monoinsaturé (configuration cis) non ramifié de la série des  $\omega 7$  de masse molaire inconnue. L'indice de saponification de cet ester est:  $I_s=157,3$ . Quel est le nom de l'acide gras présent dans ce composé lipidique?

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>

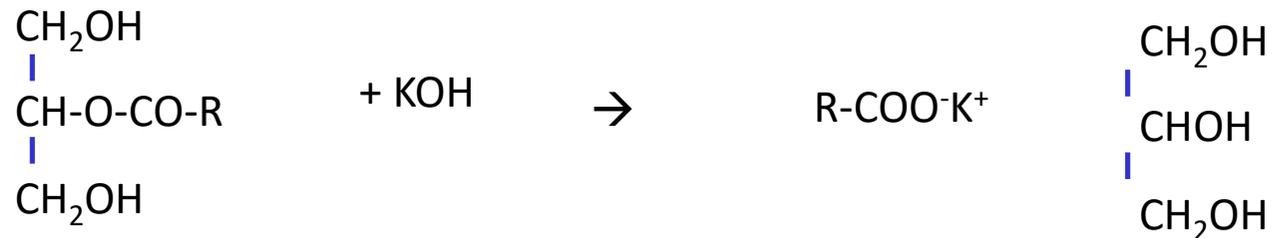
- A) L'acide cis-9-hexadécénoïque
- B) L'acide cis-11-octadécénoïque
- C) L'acide cis-7-tétradécénoïque
- D) L'acide cis-11-hexadécénoïque
- E) L'acide cis-5-tétradécénoïque

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

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

$$I_s = 157,3$$

$$M_{\text{KOH}} = 56 \text{ g.mol}^{-1} \quad n_{\text{KOH}} = \frac{157,3 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 2,81 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$



Réaction stœchiométrique : n mole de KOH = n mole d' ester

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

**V-LIPIDES**

169/ On a isolé un composé lipidique à partir d'un échantillon biologique: c'est un ester glycérique (un seul acide gras est estérifié sur le glycerol en position 2). Après saponification, il y a libération de glycerol et de sels de potassium d'un acide gras monoinsaturé (configuration cis) non ramifié de la série des  $\omega 7$  de masse molaire inconnue. L'indice de saponification de cet ester est:  $I_s=157,3$ . Quel est le nom de l'acide gras présent dans ce composé lipidique?

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 cis-9-hexadécenoïque
- B) L'acide cis-11-octadécenoïque
- C) L'acide cis-7-tetradécenoïque
- D) L'acide cis-11-hexadécenoïque
- E) L'acide cis-5-tetradécenoïque

$$n_{\text{KOH}} = n_{\text{ester}} = 2,81 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$M_{\text{ester AG}} = \frac{m_{\text{ester}}}{n_{\text{ester}}} = \frac{1 \text{ g}}{2,81 \cdot 10^{-3} \text{ mol}} = 356 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$\text{Donc } M_{\text{AG}} = M_{\text{ester}} - M_{\text{CH}_2\text{OH-C-CH}_2\text{OH}} = 356 - (3 \times 12 + 2 \times 16 + 6 \times 1)$$

$$\text{Donc } M_{\text{AG}} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$$

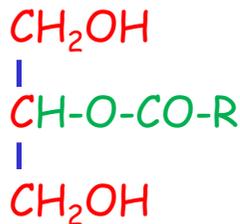
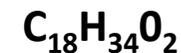
Or : AG = Monoinsaturé non ramifié      Formule brute :  $C_n H_{2n-2} O_2$

$$\text{Donc } 12n + 2n - 2 + (16 \times 2) = 282$$

$$14n = 282 - 30 = 252$$

$$n = 252 / 14 = 18$$

Nous en déduisons la  
formule brute de l'AG :



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

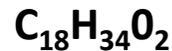
V-LIPIDES

169/ On a isolé un composé lipidique à partir d'un échantillon biologique: c'est un ester glycérique (un seul acide gras est estérifié sur le glycerol en position 2). Après saponification, il y a libération de glycerol et de sels de potassium d'un acide gras monoinsaturé (configuration cis) non ramifié de la série des  $\omega 7$  de masse molaire inconnue. L'indice de saponification de cet ester est:  $I_s=157,3$ . Quel est le nom de l'acide gras présent dans ce composé lipidique?

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>

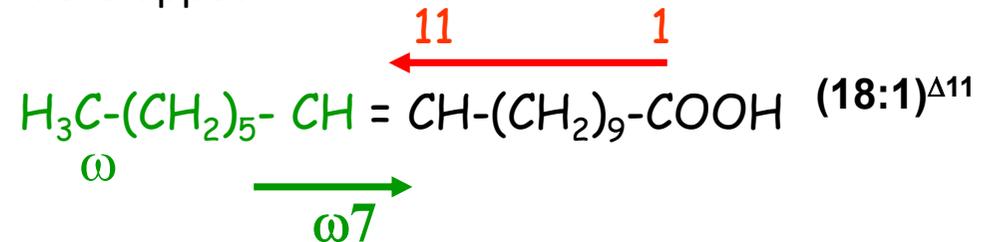
- A) L'acide cis-9-hexadécenoïque
- B) L'acide cis-11-octadécenoïque
- C) L'acide cis-7-tétradécenoïque
- D) L'acide cis-11-hexadécenoïque
- E) L'acide cis-5-tétradécenoïque

Nous en déduisons la  
formule brute de l' AG :



AG de la série des  $\omega 7$

Formule semi-développée :



Réponse B

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega 6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $I_i = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

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 palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

### 1/ $I_s$ : Détermination masse molaire ester d'AG

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

$$I_s = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} \times M_{\text{KOH}}$$

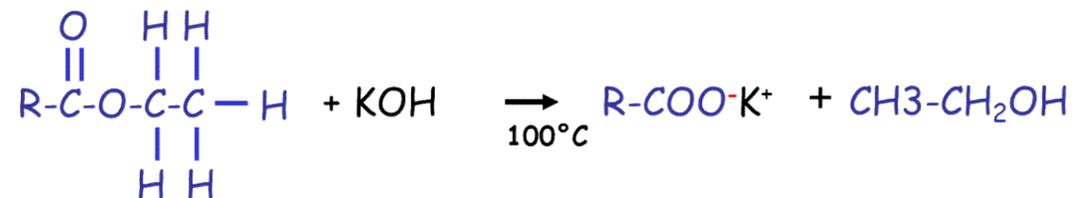
$$n_{\text{KOH}} = \frac{I_s}{M_{\text{KOH}}}$$

$$I_s = 168,7$$

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

$$n_{\text{KOH}} = \frac{168,7 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,012 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

### Réaction stœchiométrique ? OUI



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**V-LIPIDES**

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega 6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $I_i = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

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 palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

#### 1/ $I_s$ : Détermination masse molaire ester d'AG

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

$$I_s = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} \times M_{\text{KOH}}$$

$$n_{\text{KOH}} = \frac{I_s}{M_{\text{KOH}}}$$

$$I_s = 168,7$$

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

$$n_{\text{KOH}} = \frac{168,7 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,012 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{\text{KOH}} = n_{\text{ester}} = 3,012 \cdot 10^{-3} \text{ mol} \quad \text{avec } n_{\text{ester}} \text{ présent dans 1 g de matière grasse}$$

$3,012 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$  d'ester a une masse d'1 g

$$M_{\text{ester}} = \frac{m_{\text{ester}}}{n_{\text{ester}}} = \frac{1 \text{ g}}{3,012 \cdot 10^{-3} \text{ mol}} = 332 \text{ g.mol}^{-1}$$

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega 6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $I_i = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

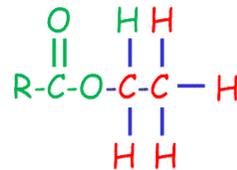
H:1 g.mol<sup>-1</sup> ; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

- A) L'acide palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

## 2/ Détermination masse molaire AG

M ester = 332 g.mol<sup>-1</sup>

M AG = ? g.mol<sup>-1</sup>



Saponification ester éthylique AG

Donc M AG = M ester - M CH<sub>3</sub>-CH<sub>2</sub> = 332 - (2 X 12 + 4X1)

Donc M AG = 304 g.mol<sup>-1</sup>

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega 6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $II = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

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 palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

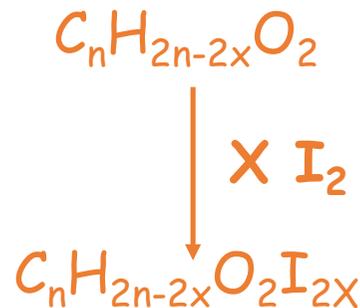
3/ II: détermination du degré d'insaturation

M AG = 302 g.mol<sup>-1</sup>

Acide gras insaturé non ramifié

Formule brute :  $C_nH_{2n-2x}O_2$

Degré d'insaturation de l'AG ?



Indice d'iode

Réaction non stœchiométrique :  
X mole de I<sub>2</sub> pour 1 mole d'AG

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**V-LIPIDES**

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega 6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $I_I = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

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 palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

### 3/ $I_I$ : détermination du degré d'insaturation

$I_I$  : masse de  $I_2$  en cg pour saturer 1 g d'AG

$$I_I = m_{I_2} = n_{I_2} \times M_{I_2} \quad n_{I_2} = \frac{I_I}{M_{I_2}}$$

$$I_I = 334,2$$

$$M_{I_2} = 254 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$n_{I_2} = \frac{334,2 \cdot 10^{-2} \text{ g}}{254 \text{ g.mol}^{-1}} = 13,16 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$13,16 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$  d' $I_2$  pour saturer 1g d'acide gras

nAG impliqué dans la réaction?

$$M_{AG} = 304 \text{ g mol}^{-1}$$

$$n_{AG} = \frac{m_{AG}}{M_{AG}} = \frac{1 \text{ g}}{304 \text{ g mol}^{-1}} = 3,29 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega_6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $I_2 = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

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 palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

3/  $I_2$ : détermination du degré d'insaturation

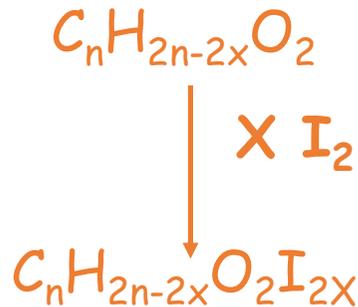
$$nI_2 = X n_{AG}$$

X: nombre de double liaison

$$X = \frac{nI_2}{n_{AG}}$$

$$n_{I_2} = 13,16 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{AG} = 3,29 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$



$$X = \frac{13,16 \cdot 10^{-3}}{3,29 \cdot 10^{-3}} = 4$$

Cet acide gras de la famille des  $\omega_6$  présente 4 doubles liaisons

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**V-LIPIDES**

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega 6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $I_i = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

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 palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

#### 4/ Détermination nombre C

M AG = 302 g.mol<sup>-1</sup> et formule brute : C<sub>n</sub>H<sub>2n-2x</sub>O<sub>2</sub>

X=4

Donc  $12n + 2n - 8 + (16 \times 2) = 302$

$14n = 302 - 24 = 278$

$n = 278/14 = 20$

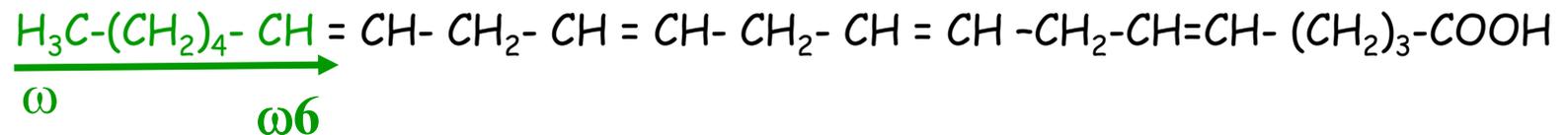
Nous en déduisons la formule brute de l'AG : C<sub>20</sub>H<sub>32</sub>O<sub>2</sub>

#### 5/ Identification AG

AG de la série des  $\omega 6$

chaque double liaison est séparée par un CH<sub>2</sub>

Formule semi-développée :



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

170/ Un composé lipidique a été isolé à partir d'un échantillon biologique: il s'agit d'un ester éthylique d'un acide gras insaturé non ramifié appartenant à la famille des  $\omega 6$  de masse molaire inconnue. Afin d'identifier l'acide gras correspondant à cet ester une expérience de saponification a été réalisée sur l'ester éthylique de cet acide gras insaturé. Son indice de saponification est:  $I_s = 168,7$ . Puis l'indice d'iode de l'acide gras insaturé purifié a été déterminé:  $I_i = 334,2$

Quel est le nom commun de cet acide gras?

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 palmitoléique
- B) L'acide palmitique
- C) L'acide arachidonique
- D) L'acide oléique
- E) L'acide linoléique

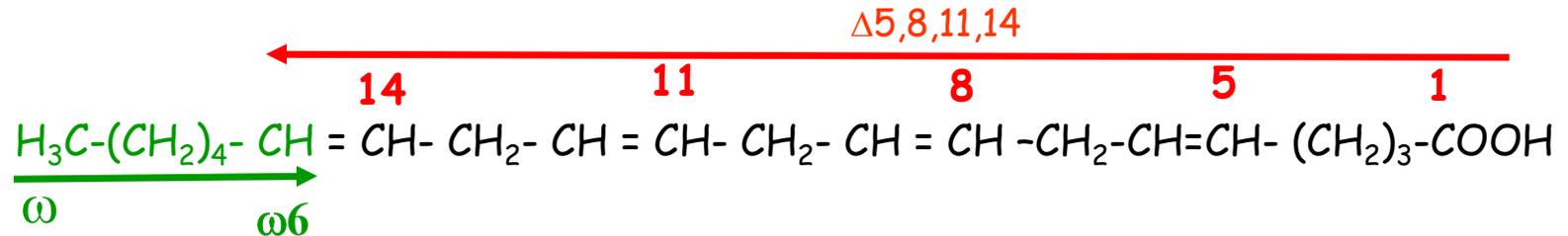
Vrai

#### 5/ Identification AG

AG de la série des  $\omega 6$

chaque double liaison est séparée par un CH<sub>2</sub>

Formule semi-développée :



(20:4)<sup>Δ5,8,11,14</sup>: Acide arachidonique

Réponse C

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

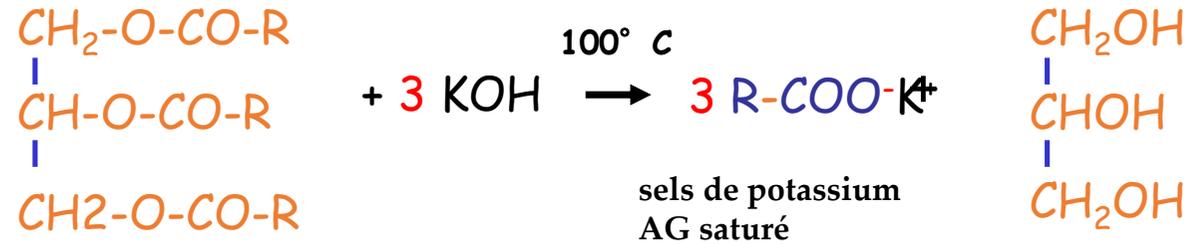
V-LIPIDES

172/ La saponification de 4g d'un triacylglycérol homogène a nécessité 13,50 ml d'une solution de potasse alcoolique à 1 mol/L. Quel est le nom de l'acide gras estérifié sur la molécule de glycerol sachant que cet acide gras est à chaîne linéaire saturée?

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 arachidique
- C) L'acide myristique
- D) L'acide palmitique
- E) L'acide laurique

1/ Réaction de saponification mise en jeu



Réaction non stoechiométrique

n KOH = 3 n ester

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

172/ La saponification de 4g d'un triacylglycérol homogène a nécessité 13,50 ml d'une solution de potasse alcoolique à 1 mol/L. Quel est le nom de l'acide gras estérifié sur la molécule de glycerol sachant que cet acide gras est à chaîne linéaire saturée?

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 arachidique
- C) L'acide myristique
- D) L'acide palmitique
- E) L'acide laurique

## 2/ Détermination Is

Détermination mKOH nécessaire pour saponifier 4g de triacylglycerol

$$m\text{KOH} = n\text{KOH} \times M\text{KOH}$$

$$n\text{KOH} = C \text{ KOH} \times V \text{ KOH}$$

$$C\text{KOH} = 1 \text{ mol L}^{-1}$$

$$V\text{KOH} = 13,5 \text{ ml}$$

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

$$m\text{KOH} = 1 \times 13,5 \cdot 10^{-3} \times 56$$

$$m\text{KOH} = 0,756\text{g}$$

Il faut 756 mg de KOH pour saponifier 4g de triacylglycerol

Donc il faut 189 mg de KOH pour saponifier 1g de triacylglycerol

 **Is = 189**

172/ La saponification de 4g d'un triacylglycérol homogène a nécessité 13,50 ml d'une solution de potasse alcoolique à 1 mol/L. Quel est le nom de l'acide gras estérifié sur la molécule de glycerol sachant que cet acide gras est à chaîne linéaire saturée?

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 arachidique
- C) L'acide myristique
- D) L'acide palmitique
- E) L'acide laurique

### 3/ Détermination masse molaire triacylglycerol

$$n_{\text{KOH}} = \frac{I_s}{M_{\text{KOH}}}$$

$$I_s = 189$$

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

$$n_{\text{KOH}} = \frac{189 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,375 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

Réaction non stoechiométrique:  $n_{\text{KOH}} = 3 n_{\text{ester}}$

$$n_{\text{ester}} = \frac{3,375 \cdot 10^{-3}}{3} = 1,125 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

1,125 10<sup>-3</sup> mol d'ester a une masse d'1 g

$$M_{\text{ester}} = \frac{m_{\text{ester}}}{n_{\text{ester}}} = \frac{1 \text{ g}}{1,125 \cdot 10^{-3} \text{ mol}} = 889 \text{ g.mol}^{-1}$$

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

172/ La saponification de 4g d'un triacylglycérol homogène a nécessité 13,50 ml d'une solution de potasse alcoolique à 1 mol/L. Quel est le nom de l'acide gras estérifié sur la molécule de glycerol sachant que cet acide gras est à chaîne linéaire saturée?

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 arachidique
- C) L'acide myristique
- D) L'acide palmitique
- E) L'acide laurique

#### 4/ Détermination masse molaire AG

$$M_{\text{ester}} = 889 \text{ g.mol}^{-1}$$

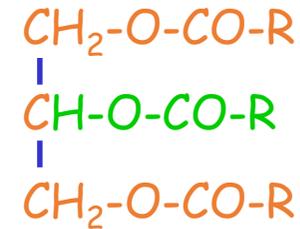
$$M_{\text{AG}} = ? \text{ g.mol}^{-1}$$

$$\text{Donc } M_{\text{ester}} = 3 M_{\text{R}} + (6 \times 12 + 6 \times 16 + 5 \times 1)$$

$$\text{Donc } M_{\text{R}} = \frac{M_{\text{ester}} - 173}{3} = 239 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$M_{\text{AG}} = M_{\text{R}} + (1 \times 12 + 2 \times 16 + 1 \times 1)$$

$$\underline{M_{\text{AG}} = 284 \text{ g.mol}^{-1}}$$



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

172/ La saponification de 4g d'un triacylglycérol homogène a nécessité 13,50 ml d'une solution de potasse alcoolique à 1 mol/L. Quel est le nom de l'acide gras estérifié sur la molécule de glycerol sachant que cet acide gras est à chaîne linéaire saturée?

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

Vrai

A) L'acide arachidique

B) L'acide myristique

C) L'acide palmitique

D) L'acide laurique

5/ Détermination nombre C

M AG = 284 g.mol<sup>-1</sup>

Chaîne linéaire saturée

Formule brute : C<sub>n</sub>H<sub>2n</sub>O<sub>2</sub>

Donc  $12n + 2n + (16 \times 2) = 284$

$14n = 284 - 32 = 252$

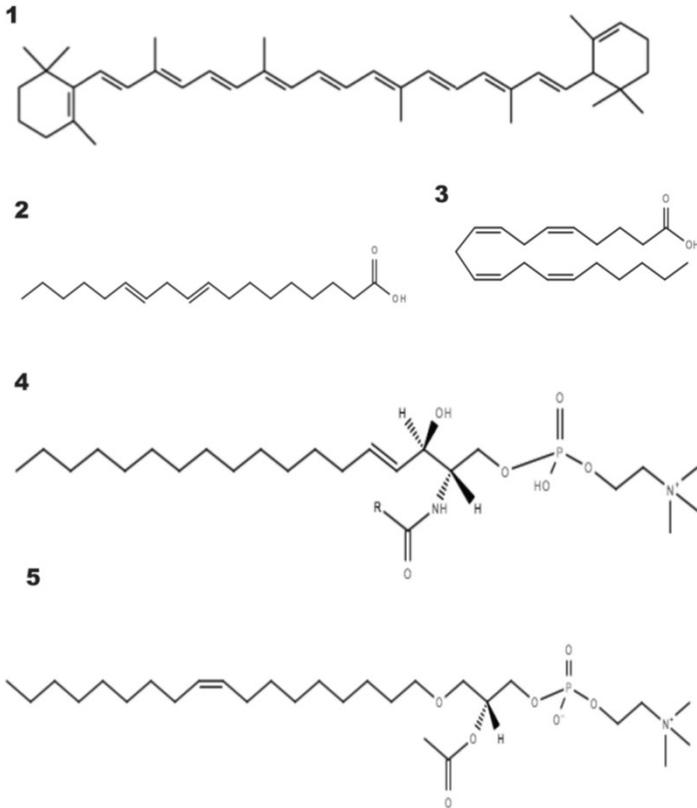
$n = 252/14 = 18$

Nous en déduisons la formule brute de l'AG : C<sub>18</sub>H<sub>36</sub>O<sub>2</sub>

Acide stéarique

Réponse A

173 à 175/ Soient les structures lipidiques suivantes :



173/ Parmi les propositions suivantes, la(les)quelle(s) est(sont) exacte(s) :

- A. Le lipide 1 est un terpène.  
Vrai (a-carotène)
- B. Le lipide 2 est un acide gras insaturé.  
Vrai (acide trans, trans-9,12-octadecadienoïque)
- C. Le lipide 4 est présent en grande quantité dans le cerveau.  
Vrai (Sphingomyéline)
- D. Le lipide 5 n'est pas un phospholipide.  
Faux (phosphatidylcholine)
- E. Aucun des lipides représentés n'est une vitamine liposoluble.  
Faux (lipide 1)

174/ Parmi les propositions suivantes, la(les)quelle(s) est(sont) exacte(s) :

- A. Le lipide 3 est un acide gras polyinsature de la série w6 comme l'acide  $\alpha$ -linoléique.  
Faux (acide arachidonique)
- B. Le lipide 4 est un précurseur d'un lipide second messenger impliqué dans la signalisation cellulaire.  
Vrai (sphingomyéline)
- C. Le lipide 2 possède deux insaturations trans, configuration la plus présente dans les acides gras insaturés naturels.  
Faux
- D. Dans les membranes cellulaires, les phospholipides sont repartis de manière asymétrique. Le lipide 4 en est un exemple.  
Vrai
- E. Aucun des lipides représentés sur la figure 1 ne rentre dans la composition des membranes cellulaires.  
Faux

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

**V-LIPIDES**

176/

- A. **Faux.** Le lipide 1 est un ester du cholestérol.
- B. **Vrai.**
- C. **Faux.** C'est un ester d'acide gras
- D. **Vrai,** c'est un glycérophospholipide: le phosphatidyléthanolamine.
- E. **Vrai,** En effet il s'agit de la sphingosine-1-phosphate. Elle est produite sous l'effet de la sphingosine kinase et est un acteur du signal activant la prolifération et la survie cellulaire.

**Réponse BDE**

177/

- A. **Vrai.**
- B. **Faux,** le lipide 1 n'est pas une hormone, c'est un ester du cholestérol.
- C. **Faux,** la fonction OH est sur le carbone 17.
- D. **Faux,** ils ont 18, 19 ou 21 carbones selon la classe
- E. **Faux,** c'est une hormone androgénique (19 carbones).

**Réponse A**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

**V-LIPIDES**

178/

- A. **Faux.** Il s'agit de la phosphatidyléthanolamine, à ne pas confondre avec les sphingolipides dont certains font partie de la gaine de myéline (sphingomyéline).
- B. **Vrai.** La sphingosine-1-phosphate dérive de la sphingomyéline par l'action successive des enzymes sphingomyélinase, céramidase, et sphingosine kinase.
- C. **Vrai.** La membrane est un système phospholipidique dissymétrique, certains sont davantage présents à la face interne et d'autres à la face externe (confère cours).
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.** Pour rappel un triglycéride est composé d'une molécule de glycérol sur laquelle sont estérifiées trois acides gras sur les trois fonctions alcools.

**Réponse BCDE**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME**V-LIPIDES**

179/ Une réaction de saponification est réalisée à partir du lipide 3, dont la masse molaire est  $448 \text{ g.mol}^{-1}$ .

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

Données : H :  $1 \text{ g.mol}^{-1}$  ; O :  $16 \text{ g.mol}^{-1}$  ; C :  $12 \text{ g.mol}^{-1}$  ; K :  $39 \text{ g.mol}^{-1}$  ; I :  $127 \text{ g.mol}^{-1}$  ;  $50,8/56 \text{ g.mol}^{-1} = 0,9$

**A. Vrai :** on obtient l'acide linoléique (AG essentiel) et un alcool gras à 12 carbones.

**B. Vrai:** l'indice d'iode est égal à 0,9 fois son indice de saponification.

**Indice d'iode :**

2 insaturations.

Soit  $n(\text{I}_2) = 2 \times n(\text{ester d'AG})$ .

Rappel :  $I_i =$  masse de  $\text{I}_2$  en cg saturant 1g de matière grasse.

$n(\text{ester d'AG}) = m/M = 1/448 = 2,23 \times 10^{-3} \text{ mol}$ .

Donc  $n(\text{I}_2) = 2 \times 2,23 \times 10^{-3} = 4,46 \times 10^{-3} \text{ mol}$ .

Soit  $I_i = n(\text{I}_2) \times 254 \times 100 = 4,46 \times 10^{-3} \times 254 \times 100 = 113,3$

**Indice de saponification :**

1 fonction ester.

Soit  $n(\text{KOH}) = n(\text{ester d'AG})$

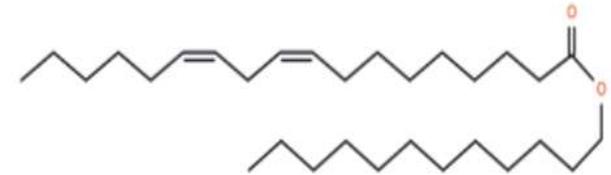
Rappel :  $I_s =$  masse de KOH en ms pour saponifier 1g de l'ester d'AG.

$n(\text{KOH}) = 2,23 \times 10^{-3} \text{ mol}$ .

Soit  $I_s = 2,23 \times 10^{-3} \times (39+16+1) \times 1000 = 124,9$

Or  $113,3 = 0,9 \times 124,9$ .

3



I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

V-LIPIDES

179/ Une réaction de saponification est réalisée à partir du lipide 3, dont la masse molaire est  $448 \text{ g.mol}^{-1}$ .

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

Données : H :  $1 \text{ g.mol}^{-1}$  ; O :  $16 \text{ g.mol}^{-1}$  ; C :  $12 \text{ g.mol}^{-1}$  ; K :  $39 \text{ g.mol}^{-1}$  ; I :  $127 \text{ g.mol}^{-1}$  ;  $50,8/56 \text{ g.mol}^{-1} = 0,9$

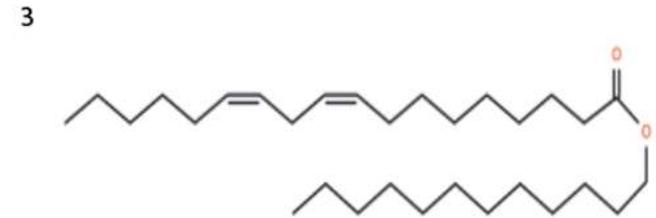
- C. Faux.** En remplaçant l'acide linoléique ( $\text{C}_{18}\text{H}_{32}\text{O}_2$ ) par l'acide eicosatétraoïque ( $\text{C}_{20}\text{H}_{32}\text{O}_2$ ), on augmente la masse molaire de l'ester d'AG. Donc la quantité de matière n contenue dans 1g de cette matière grasse en est réduit, et l'indice de saponification sera donc réduit également. A titre indicatif, le nombre de fonction ester n'est en rien changé par cette modification (1 fonction ester).
- D. Faux.** La température du fusion est d'autant plus faible que le degré d'insaturation est élevé. Un acide octadécatriénoïque aura une température de fusion plus faible que l'acide octadécadiénoïque.
- E. Vrai.** Calcul de l'indice de saponification d'un triglycéride ayant une masse molaire de  $560 \text{ g.mol}^{-1}$ :

$n(\text{KOH}) = 3 \times n(\text{TG})$  (stœchiométrie de la réaction avec 3 fonctions ester).

$m(\text{KOH}) = 3 \times n(\text{TG}) \times M(\text{KOH}) = 3 \times (1/560) \times (39+16+1) = 3 \times 1,786 \times 10^{-3} \times 56 = 300 \times 10^{-3}$

Soit  $I_s = 300$ .

En effet  $300 > 124,9$



Réponse ABE

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

**V-LIPIDES**

180/

1= Acide oléique : **C(18:1)**

2= Acide gras estérifié sur le lipide 1 : acide alpha linoléique **C(18:3)**

3= Acide gras obtenu après digestion du lipide 4 par une phospholipase A1 : acide palmitique **C(16:0)**.

4= Acide gras obtenu par saponification du lipide 3 : acide linoléique **C(18:2)**.

5= acide caprique **C(10:0)**

**Réponse BC**  
**Correction BCE ???**

**A. Faux.**

**B. Vrai.** L'ordre est bien 5, 2, 3, 4, 1 : le C(10:0) sort en premier (chaîne carbonée beaucoup plus courte et entièrement saturée). Ensuite les acides gras à 18 carbones sortent dans l'ordre inverse de leur degré d'insaturation (HPLC) (2 puis 4 puis 1), et il est donné en proposition que le C16:0 sort entre 2 et 4.

**C. Vrai.** Avec d'avantage d'insaturation, la fluidité de la membrane biologique est augmentée.

**D. Faux.** La chromatographie phase gazeuse sépare les acides gras en fonction de leur volatilité et de leur affinité pour la phase stationnaire (face interne de la colonne analytique. En pratique le temps de rétention augmente avec la longueur de chaîne carbonée et augmente également avec le degré d'insaturation.

**E. Faux.**

I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,  
METABOLISME

**V-LIPIDES**

**182 à 184/ : Examen Terminal 2021**

*Vous reporter à la correction proposée par le tutorat*