

Université Claude Bernard Lyon 1



Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2019 - 2020

Unité d'Enseignement 1

Correction de l'annale 2018-2019

8 janvier 2019

Correction détaillée

**Inès RICHARD
Baptiste GIRERD
Chloé CHEYNET
Louise DANNONAY
Mickaël RAMANI
Nino ALINAT**

Correction rapide

Questions	Item(s) juste(s)
1	ABCD
2	D (10/0)
3	BE
4	B (15/0)
5	BC (15/9/3/0)
6	A
7	ABCD
8	BDE
9	BCE
10	ADE
11	A
12	BCDE (10/6/2/0)
13	AD
14	C
15	ACE
16	ABE
17	BCE (10/6/2/0)
18	BC
19	ABC
20	B
21	BDE
22	ABE
23	CDE
24	D
25	B
26	DE
27	ABCE
28	A
29	C
30	BD

31	ABD
32	B
33	ACDE
34	DE
35	AB
36	BCD
37	ACD
38	ACE (10/6/2/0)
39	BD
40	BD(E)
41	CDE
42	CD
43	B
44	A
45	ACD
46	E
47	D
48	E

ATTENTION !

Ces corrections sont proposées par les tuteurs d'UE1. Ce ne sont pas des corrections officielles. Elles n'ont aucune valeur aux yeux de la loi et ne peuvent pas être utilisées pour contester les résultats des concours de PACES.

Correction détaillée

Question 1 : ABCD

A VRAI Un élément est défini par son numéro atomique Z , qui correspond au nombre de protons.

B VRAI Les éléments sont rangés par numéro atomique croissant dans le tableau périodique (de gauche à droite et de haut en bas).

C VRAI L'électronégativité selon l'échelle de Pauling augmente régulièrement au sein d'une période de la gauche vers la droite et ce jusqu'aux halogènes, car les gaz rares ont une électronégativité nulle.

Attention c'est l'énergie d'ionisation qui grandit de façon irrégulière au sein d'une période à cause de l'effet sous couche pleine ou demi-pleine stabilisant.

D VRAI D'après le cours, la probabilité de trouver un électron dans un volume élémentaire dV peut être notée $dP/dV = k \cdot (\Psi)^2$, ainsi $(\Psi)^2 \cdot dV$ correspond à la probabilité de présence ponctuelle.

E FAUX Les solutions de la fonction d'onde correspondent au triplet de nombre $(n ; l ; m)$. Ainsi lorsqu'on a $n=2, l=0, m=0$ on a une orbitale qui ne possède qu'une case quantique donc une **2s**.

Question 2 : D

- 1) On compte le nombre de doublet d'électrons : pour Xe ($Z=54$) : $1s^2 2s^2 2p^6 3s^2 3p^6 4s^2 3d^{10} 4p^6 5s^2 4d^{10} 5p^6$, les électrons de valence sont ceux de la couche la plus externe (soit ici $n=5$), \rightarrow 8 électrons de valence (si on savait que le Xénon est un gaz rare, on n'avait pas besoin d'écrire la configuration électronique, car le propre des gaz rares est qu'ils possèdent 8 électrons de valence). Pour O on a 6 électrons de valence, et pour F on en 7. Ainsi au total on a $8 + 6 + 4 \cdot 7 = 42$ électrons soit **21 paires**. On peut éliminer les propositions qui comportent 20 doublets donc **A, C et E FAUX**.
- 2) On calcule les charges formelles : $q = e - v - d$

Molécule B	Molécule D
Xe : $q = 8 - 5 - 2 = 1$	Xe : $q = 8 - 6 - 2 = 0$
F : $q = 7 - 1 - 6 = 0$	F : $q = 0$
O- : $q = 6 - 1 - 6 = -1$	O= : $q = 6 - 2 - 4 = 0$
$\Sigma = 1 + 1 = 2$	$\Sigma = 0$

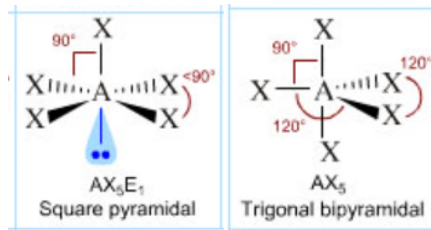
Attention : somme en valeur absolue ! On choisit la molécule présentant la somme la plus faible \rightarrow **B FAUX, D VRAI**.

Question 3 : BE

Le modèle VSEPR de la molécule est donc **AX_5E_1** \rightarrow **A FAUX, B VRAI**.

La structure de la molécule est donc de forme **pyramide à base carrée** \rightarrow **C FAUX**.

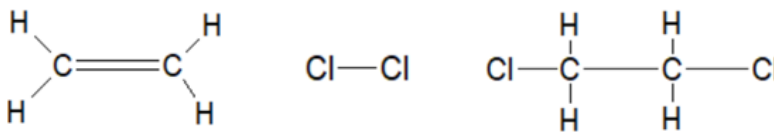
La structure de forme **bipyramide à base triangulaire** correspond à un modèle **AX_5** .



A cause de la présence d'un doublet non liant, il y a une déformation dans la structure → **D FAUX**, **E VRAI**.

Question 4 : B

- 1) On écrit les molécules sous forme développée pour faire apparaître toutes les liaisons (attention à la double liaison dans C_2H_4 , le carbone est tétravalent = forme 4 liaisons).



- 2) On compte le nombre de liaison de chaque type dans les réactifs et dans les produits.

Liaison	Réactifs	Produits
C-C (150)	0	1
Cl-Cl (50)	1	0
C=C (300)	1	0
Cl-C (250)	0	2
C-H (100)	4	4

- 3) Pour calculer l'enthalpie de réaction à partir des énergies de liaisons ou des énergies de combustion, on utilise l'inverse de la loi de Hess :

$$\Delta H^{\circ}_r = \sum \Delta H^{\circ}_{\text{comb}} (\text{réactifs}) - \sum \Delta H^{\circ}_{\text{comb}} (\text{produits})$$

$$= 50 + 300 + 400 - (150 + 500 + 400) = 750 - 1050 = -300 \text{ kJ} \rightarrow \text{B VRAI.}$$

Question 5 : BC

A FAUX Si on diminue la pression, la réaction va chercher à compenser en se déplaçant du côté où il y a le plus de moles de gaz, soit dans le sens direct.

B VRAI La réaction est **exothermique**, donc si on diminue la température, la réaction va compenser en se déplaçant dans le sens exothermique donc dans le sens direct.

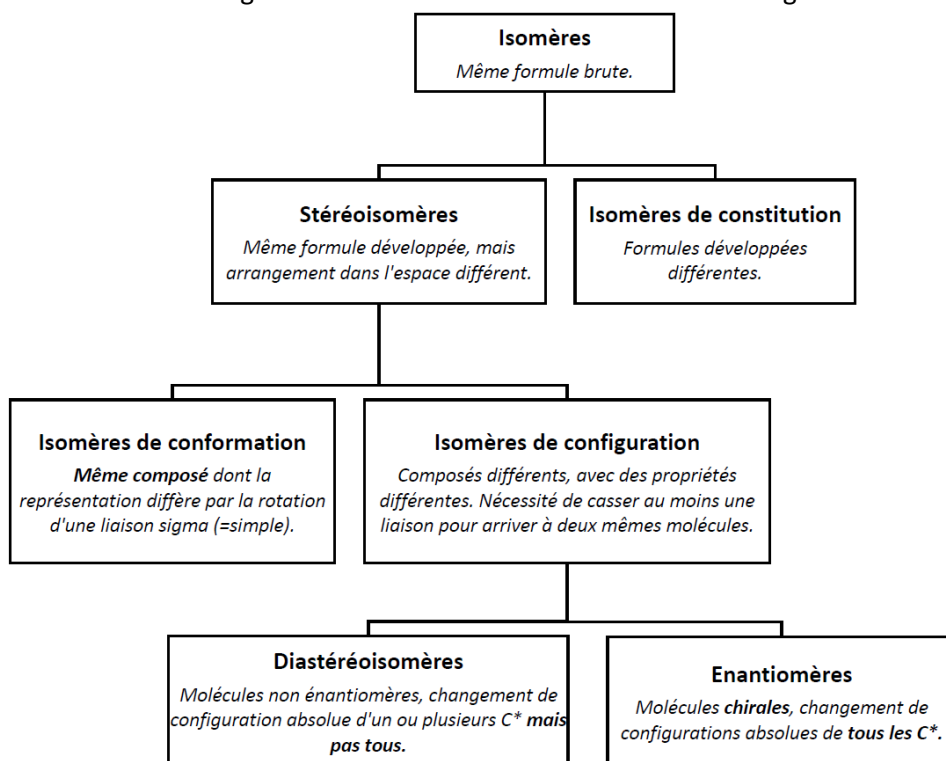
C VRAI Le D sous forme liquide fait parti de la réaction et donc déplace l'équilibre dans le sens de sa consommation, soit le sens indirect. Ce sont (tous) les solides et les solvants qui ne déplacent pas l'équilibre.

D FAUX Pas de déplacement, voir C.

E FAUX Exothermique, voir B.

Question 6 : A

A VRAI On recherche la configuration de chacun des 2 C* en suivant ces règles :



L'attribution d'une configuration absolue R ou S **ne peut se faire que sur une représentation tridimensionnelle** de la molécule (Cram, Newman, Fischer).

1) Affecter un ordre de **priorité** aux quatre entités autour du carbone asymétrique **en fonction de leur numéro atomique** (priorité 1 au plus élevé).

→ **Règles de Cahn-Ingold et Prélog (CIP) :**

1. Classer les atomes **directement liés** au carbone asymétrique (atomes de niveau 1) ;
2. Si deux atomes de niveau 1 ont la même priorité, classer par ordre de priorité les groupes de 3 atomes (atomes de 2^{ème} niveau) directement liés aux atomes de 1^{er} niveau identiques ;
3. Répéter la deuxième étape pour les atomes de niveau 3 et plus si besoin.

Remarques. – Doublet non liant ⇒ dernière priorité.

Atome **doublement/triplement lié** ⇒ **relié à deux/trois atomes de même nature.**

Si les atomes de 1^{er} niveau permettent déjà de définir les priorités, on n'a pas besoin de regarder les atomes plus lointains (de 2^{ème} ou 3^{ème} niveau).

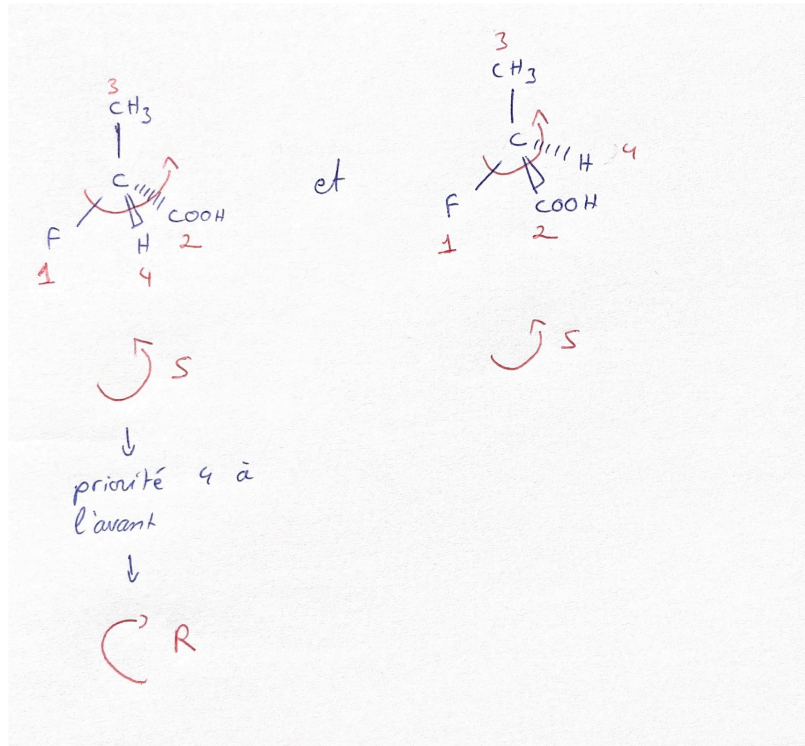
4. Réaliser la projection de Newman du carbone asymétrique selon l'axe C* → entité de priorité 4 (pour placer la priorité 4 à l'arrière ⇒ cas le plus simple) ;
5. Déterminer le sens de cheminement des priorités 1 → 2 → 3.

- ↖ Sens des **aiguilles d'une montre** ⇒ configuration absolue **R** ;
- ↖ Sens **inverse** des aiguilles d'une montre ⇒ configuration absolue **S**.

En pratique, 3 cas pour déterminer la configuration R ou S selon la position de la priorité 4 :

Priorité 4 à l'arrière (le plus facile ⇒ à privilégier)	Priorité 4 à l'avant (on peut se débrouiller avec)	Priorité 4 dans le plan (la plus délicat ⇒ à éviter)
Ignorer la priorité 4 Suivre le sens 1 → 2 → 3.	Ignorer la priorité 4 Suivre le sens 1 → 2 → 3	<u>Echanger</u> les numéros des priorités 4 et de celle qui est à l'arrière. Suivre le <u>nouveau</u> sens 1 → 2 → 3.
Sens obtenu = sens définitif	Sens obtenu à inverser	Sens obtenu à inverser

On applique ces règles à nos molécules :



Ici les deux molécules possèdent un C* opposé, elles sont donc bien énantiomères.

B FAUX Ce sont les même molécules (OH-CH₂-CH₂-CH₃).

C FAUX Les deux molécules ne possèdent pas la même formule brute, elles ne sont donc pas isomères.

D FAUX Les noms sont (2R, 3S)-2,3-dihydroxy-5-méthylhexanoïque et de l'acide (2S, 3R)-2,3-difluoro-5-méthylhexanoïque. Ainsi la première possède des groupement alcool alors que la deuxième possède des groupements fluores. Elles ne possèdent donc pas la même formule brute et ne sont donc pas isomères.

E FAUX Ces deux molécules ne possède qu'un C* qui est opposé. Elles sont donc énantiomères.

Question 7 : ABCD

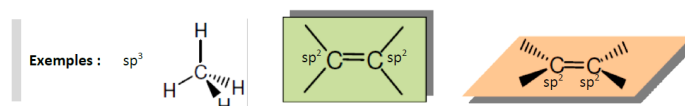
A VRAI On a une chaîne principale de 4 carbones sans substituant. Il s'agit donc bien d'une molécule de butane.

B VRAI 2 est bien une représentation de CRAM :

A. Représentation de CRAM

La représentation de Cram permet de visualiser l'agencement de quatre entités autour de carbones hybridés sp³ ou hybridés sp².

Elle indique si les liaisons sont dans le plan (—), en avant (▴) ou en arrière (▾).



Ici la chaîne principale fait 3C. Il n'y a pas de groupement prioritaire ni de double liaison. Le nom se terminera donc par -ane.

Ensuite on remarque qu'il y a bien un groupement méthyl en 2. Le nom de la molécule est donc bien : **2-méthylpropane**.

C VRAI La chaîne fait 4C. Il n'y a pas de groupement prioritaire. On trouve un groupement méthyl en 2. On a donc bien : 2-méthylbutane.

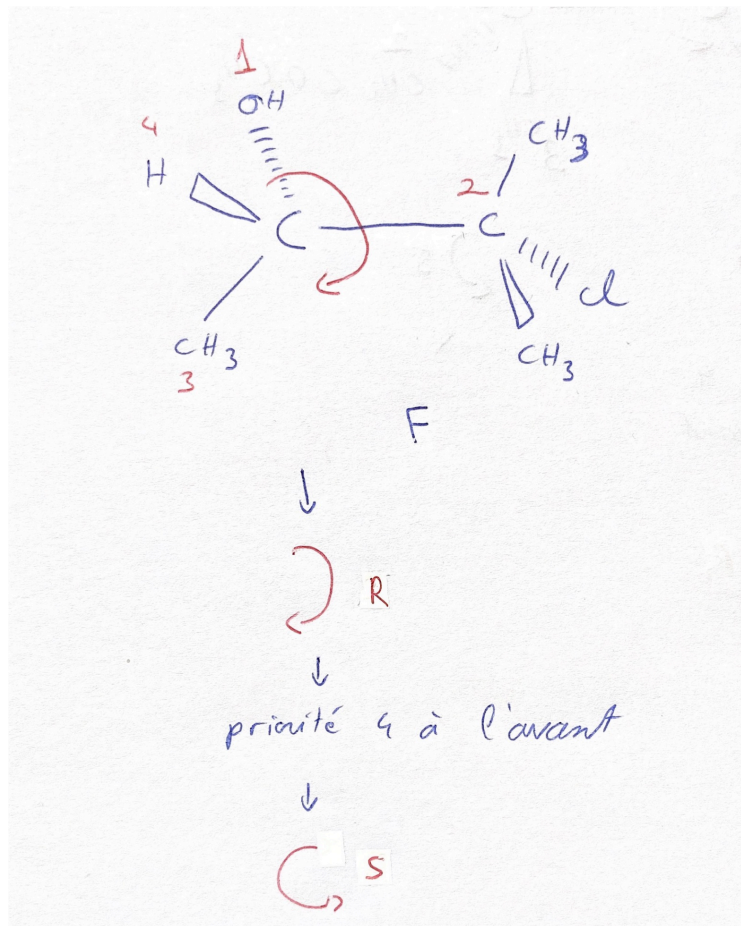
D VRAI La formule brute de 1 est : C_4H_{10} et celle de 2 est : C_4H_{10} . Ces deux molécules ont la même formule brute mais pas la même formule semi-développée. Elles sont isomères de constitution.

E FAUX La formule brute de 3 est : C_5H_{12} . Elles ne possèdent donc pas la même formule brute. Elles n'ont aucune relation d'isomérisie entre elles.

Question 8 : BDE

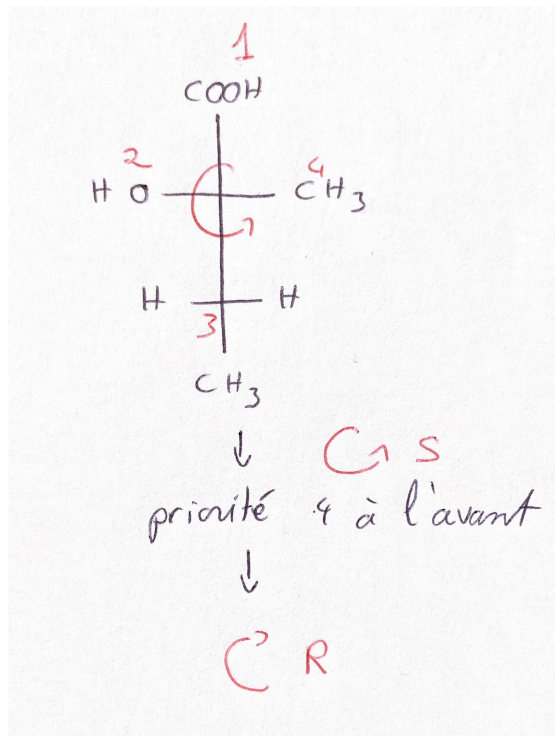
A FAUX Le carbone de gauche est bien un C* car il est relié à 4 groupements différents. Cependant, celui de droite est relié à deux groupements CH_3 il n'est donc pas asymétrique.

B VRAI



F possède donc un C* de configuration S.

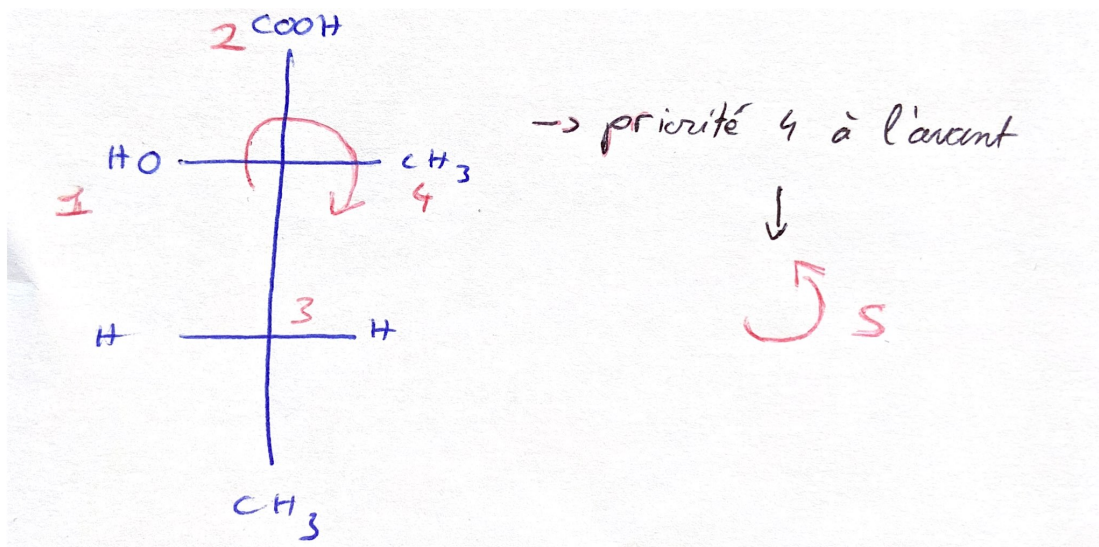
C FAUX On commence par chercher la configuration (on a une représentation de Fisher, ce qui est à l'horizontal est à l'avant).



Ici le C* proposé n'est pas le bon. On n'a donc pas besoin d'aller plus loin la C est fausse.

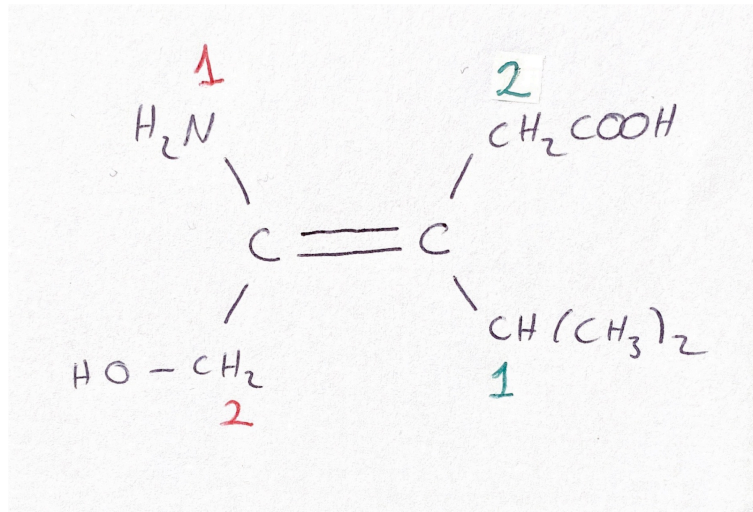
D VRAI On commence par chercher la configuration :

Le groupement prioritaire est le COOH. La chaîne principale est de 4C. Il y a en position 2 un groupement méthyle et un groupement hydroxyle. Le C* est de configuration S.



Le nom est alors l'acide (S) 2-hydroxy-2-methylbutanoïque.

E VRAI

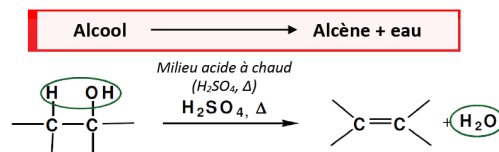


Ici les priorités 1 sont placées du côté opposé, la molécule est donc E. (Pour le C de droite on pourrait se dire que CH₂COOH est prioritaire grâce à la présence des O. Cependant ils sont en troisième position. Le C est relié à deux H et un C. Alors qu'en bas le C est relié à deux C et un H. Le groupement du bas est donc bien prioritaire. Il faut donc faire attention à ce qui peut paraître comme évident.)

Question 9 : BCE

Ici nous sommes face à une réaction d'élimination pour la formation d'un alcène.

III. Formation d'alcènes par déshydratation d'un alcool



↳ Réaction d'élimination (E), car on retranche des atomes (ici H et OH) sans en ajouter aucun.

I	II
Si alcool 1 ^{ère} ou 2 ^{ème}	Si alcool 3 ^{ème}
Mécanisme en 2 temps : - formation d'un carbocation stable : le OH capte un H ⁺ puis déshydratation ; - élimination d'un proton H ⁺ pour former une double liaison.	Mécanisme <u>concerté</u>. Pas de carbocation (pas assez stable). Le OH capte un H ⁺ . Élimination H ₂ O et H ⁺ simultanément pour former une double liaison.
⇒ Absence de sélectivité : si deux H ⁺ peuvent être éliminés : formation de deux composés diastéréoisomères Z et E (car rotation libre de la liaison C-C avant le 2 ^{ème} temps).	⇒ L'unique alcène obtenu ne présente pas de stéréochimie (car double liaison non stéréogène).

A FAUX Nous ne sommes pas face à une substitution nucléophile.

B VRAI Le C de l'alcool est relié à 3 substituants différents de H. C'est donc bien un alcool tertiaire.

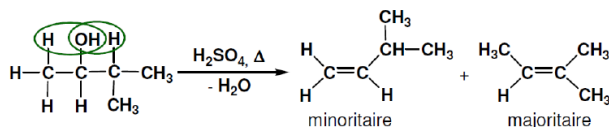
C VRAI Ici nous allons donc avoir une élimination E2, le C est relié à deux groupements CH₃ qui formeront donc la même molécule.



Attention : pour le mécanisme concerté (E2), les **deux groupements partants** (OH et H) doivent être **en anti** (dans le même plan mais de part et d'autre de la liaison carbone-carbone). Cela peut parfois nécessiter une rotation de la liaison simple.

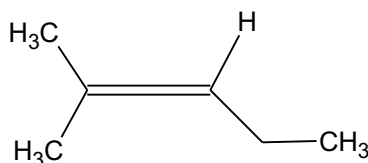
Attention à la régiochimie : s'il y a deux possibilités d'élimination de proton (H), et si cela peut former 2 composés différents, l'un sera obtenu majoritairement. On peut prédire lequel grâce à la **Règle de Zaitsev**.

Cette règle veut que lorsque plusieurs alcènes isomères se forment lors d'une réaction, celui qui possède la **double liaison la plus substituée sera majoritaire** et les autres minoritaires :

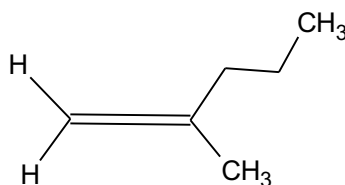


Ici, le nombre de substitutions correspond au nombre de C directement liés à la double liaison.

La molécule G va donc être la suivante :



La molécule H va être :



Ces deux molécules possèdent la même formule brute mais pas la même formule semi développée elle sont donc bien isomères de constitution (C₆H₁₂).

D FAUX Comme on peut le voir précédemment aucune des deux molécules ne possède de double liaison stéréogène.

E VRAI Cf.C

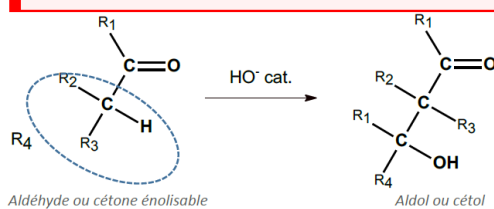
Question 10 : ADE

A VRAI La molécule 1 est une cétone ainsi traitée par une quantité catalytique de NaOH, elle conduit bien à un céto.

B FAUX La molécule 1 est une cétone et non pas un aldéhyde elle mène donc à une cétone insaturée car elle est doublement énoisable (le carbone de gauche possède deux H).

C FAUX La molécule est non énoisable.

Aldéhyde ou Cétone **énolisables** $\xrightarrow{HO^- \text{ cat.}}$ Aldol ou Céto



- **Formation de l'énolate** : déprotonation du carbone adjacent au carbonyle, on obtient alors un carbanion. Ce carbanion devient énolate par mésomérie ;
- **Addition de l'énolate sur le C=O** : addition nucléophile (AN) de l'énolate sur le carbonyle d'une autre molécule carbonylée (autre exemplaire de la cétone ou de l'aldéhyde de départ). Cette étape est une **condensation aldolique**. On obtient un alcoolate qui devient aldol/céto à la suite d'une réaction acide-base.

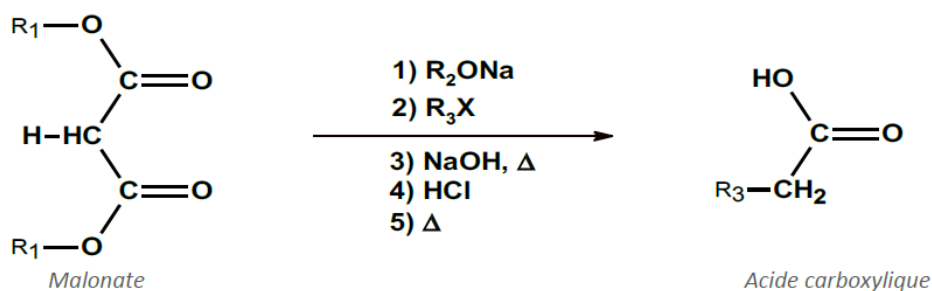
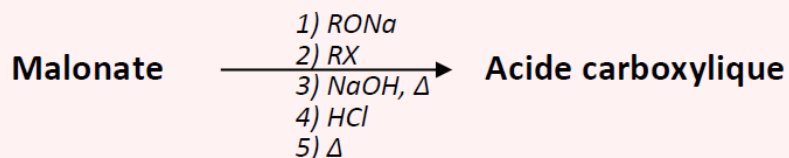
D VRAI La molécule 3 est une cétone énolisable car elle possède un H sur les deux carbones adjacents à la fonction cétone.

E VRAI En effet cette molécule est énolisable comme vu dans la question précédente. Cependant ces deux carbones ne possèdent qu'un seul H. Ils sont donc simplement énolisable et on ne pourra donc pas avoir de cétone insaturée même si on est en conditions à chaud.

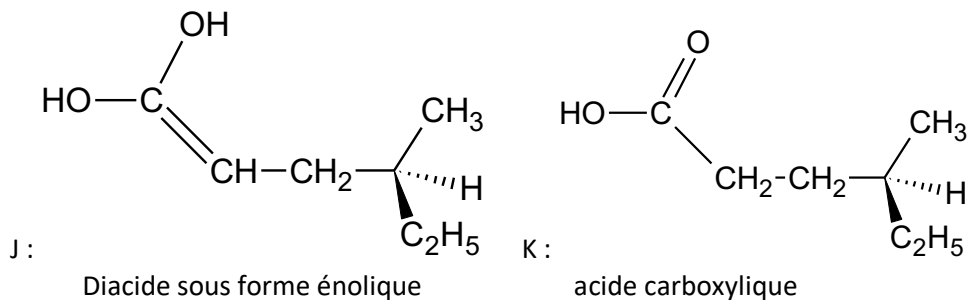
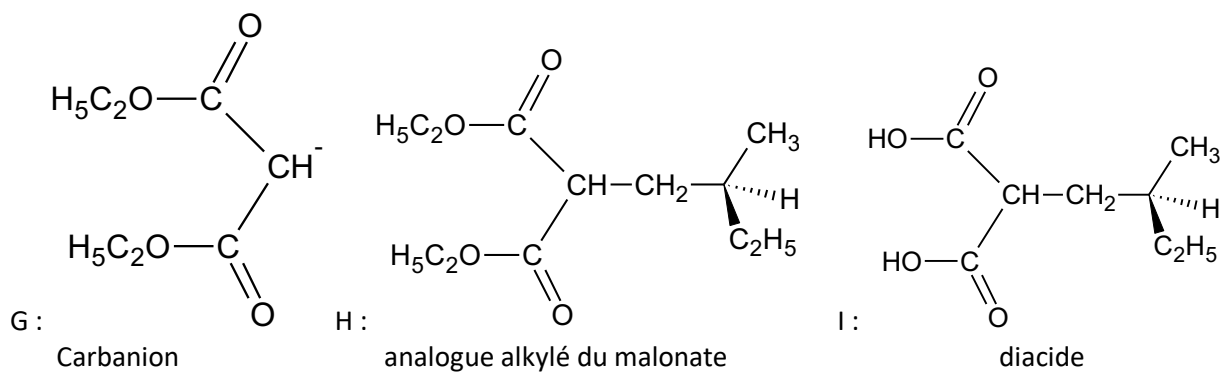
Question 11 : A

On a ici une synthèse malonique avec toutes les étapes (ce n'est pas le plus simple je le reconnais... Cependant il ne faut pas être perdu et agir étape par étape).

Synthèse malonique



- formation d'un carbanion par **réaction acide-base** entre RO^- et H ;
- **substitution nucléophile** (SN1 ou SN2 selon le dérivé halogéné) qui permet d'obtenir l'analogue alkylé du malonate de départ ;
- **saponification/hydrolyse acide** pour passer d'un diester à un diacide ;
- **chauffage** pour donner énol + CO_2 ;
- équilibre déplacé vers la formation de l'acide carboxylique.

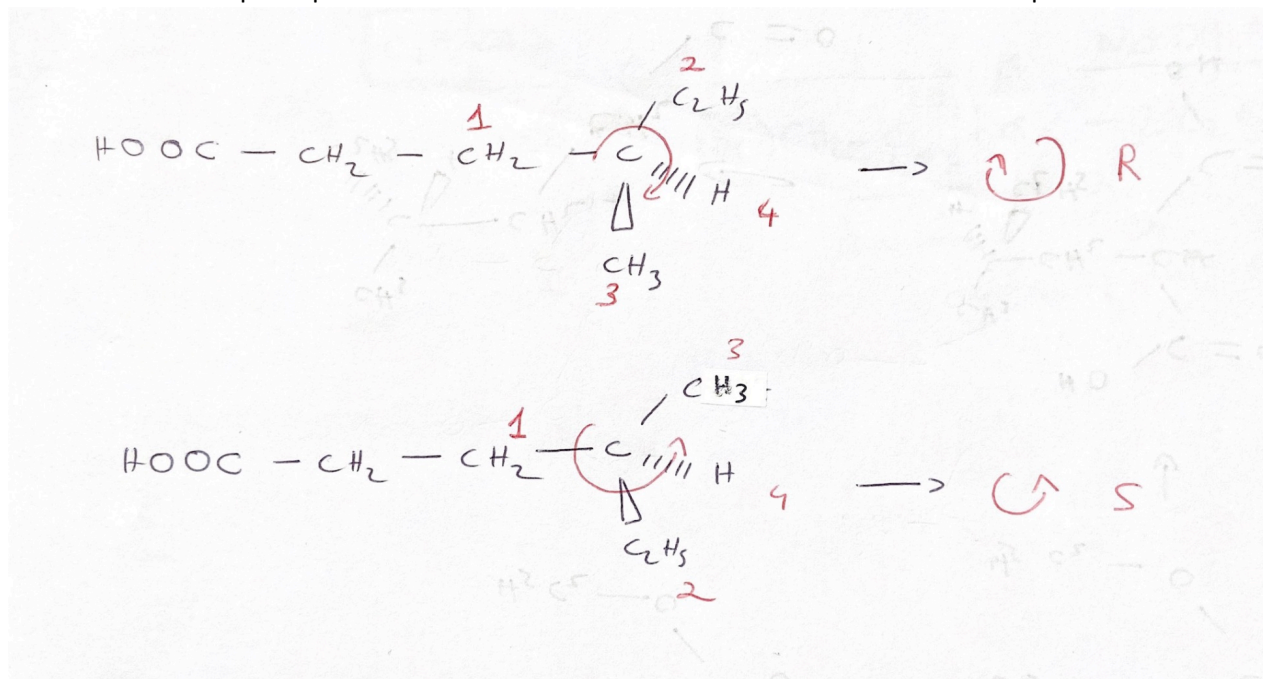


A VRAI Cf. récapitulatif de la réaction.

B FAUX H est bien un diester, cependant il est chiral.

C FAUX Cf. molécules ci-dessus.

D FAUX Le C* n'est pas représenté de la même manière. Il faut donc vérifier s'il correspond.



Ainsi le C* ne correspond pas. Ce n'est donc pas la même molécule mais son énantiomère.

E FAUX Ce n'est pas un acide carboxylique.

Question 12 : BCDE (2 points)

Pour résoudre cet exercice il faut d'abord comprendre l'énoncé. On distingue le peptide muté du peptide non muté. On nous dit que la séquence en acides aminés présentée est celle de B-RAF muté, la mutation étant K601N. Cette notation signifie que l'aa en position 601 qui était à l'origine une lysine est devenue une asparagine.

On distingue donc la séquence en aa du peptide muté (celle qui nous est donnée), avec en rose l'aa en position 601 :

V K I G D F G L A T V **N** S R W S G S H Q F E Q L S G S I L W M K P E V I R M
Q D K N P Y

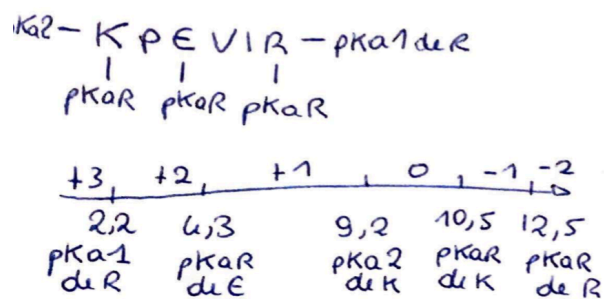
Et voici donc la séquence de B-RAF non muté :

V K I G D F G L A T V **K** S R W S G S H Q F E Q L S G S I L W M K P E V I R M
Q D K N P Y

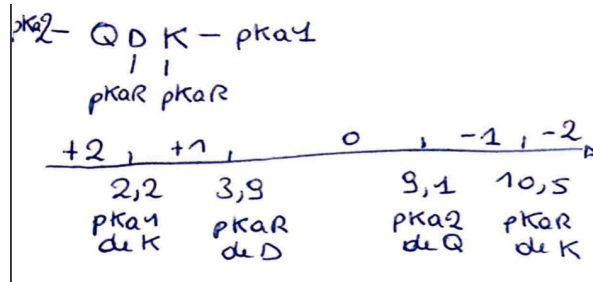
Ensuite il faut couper le peptide. On coupe le peptide à l'aide du **bromure de cyanogène**, qui coupe après M et à l'aide de la **trypsine** qui coupe après K et R SAUF s'il y a une proline derrière. Voici donc le peptide **muté** (K601N) après digestion :

V K / I G D F G L A T V **N** S R / W S G S H Q F E Q L S G S I L W M / K P E V I R /
M / Q D K / N P Y

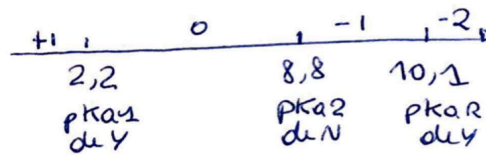
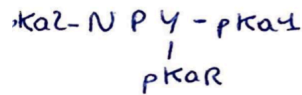
A FAUX Les fragments qui auraient pu correspondre à cette IEF sont le premier fragment (V K), le quatrième fragment (K P E V I R) et les deux derniers (Q D K , N P Y), car on nous parle d'un dipeptide, de deux tripeptides et d'un fragment de 6 acides aminés. Pour savoir si l'IEF présentée correspond bien à l'IEF de nos fragments il faut calculer les pHi. Chaque fragment migre au niveau de son pHi. On calcule donc les pHi de chacun.



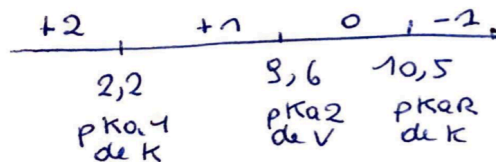
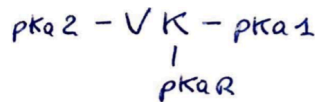
$$\text{Le pHi de KPEVIR} = (9,2+10,5)/2 = 9,85$$



Le pHi de QDK = $(3,9 + 9,1)/2 = 6,5$



Le pHi de NPY = $(2,2 + 8,8)/2 = 5,5$



Le pHi de VK = $(9,6 + 10,5)/2 = 10,05$

L'IEF présentée ne correspond donc pas à la migration de ces 4 fragments car tous les pHi ne correspondent pas.

B VRAI La chymotrypsine en condition standard coupe après W, Y et F SAUF s'il y a la proline derrière. Cependant **en 2018** le professeur a spécifié que les endopeptidases ne coupaient pas aux extrémités d'un peptide, donc aucun acide aminé libre n'est libéré, puisque l'endopeptidase ne coupe pas après le premier AA et après l'avant dernier AA. La digestion de ce fragment donne donc ceci :



C VRAI Le dipeptide obtenu est VK. D'après sa courbe de titration, réalisée lors de l'item A, à pH = 12 il est chargé négativement, donc il sera attiré par l'anode.

D VRAI ATTENTION : dans cet item nous parlons de la digestion de B-RAF **non muté**. Or la digestion du peptide non muté donnerait ceci :

VK / IGDFGLATV K / SR / WSGSHQ FEQLSGSILWM / KPEVIR /
M / QDK / NPY

On compte donc bien 7 fragments peptidiques et un acide aminé libre.

E VRAI Il s'agit de la leucine.

Question 13 : AD

On introduit dans cet item la mutation B-RAF V600E dont voici la séquence (la mutation est en **rose**) :

VK IGDFGLAT V KSRWSGSHQ FEQLSGSILWMKPEVIRM
QDKNPY

ATTENTION : l'acide aminé 601 est bien une lysine puisque la mutation K601N n'est pas présente.

A VRAI

B FAUX B-RAF muté en V600E digéré par la trypsine donne :

VK / IGDFGLAT V K / SR / WSGSHQ FEQLSGSILWMKPEVIR
/ M QDK / NPY

Aucun acide aminé libre n'est produit.

C FAUX Ici on parle de B-RAF muté en K601N et on parle de l'acide aminé libre libéré lors de sa digestion (fait dans la question 12). Il s'agit donc de la méthionine, or celle-ci possède un radical **apolaire**.

D VRAI L'acide aminé qui ne possède pas de carbone asymétrique est la glycine, on en retrouve bien dans la séquence de B-RAF muté en K601N.

E FAUX Une carboxypeptidase libère l'acide aminé en C-term. Sur B-RAF muté en K601N elle libèrera une tyrosine qui absorbe à **275nm**.

Question 14 : C

A FAUX C'est la sélénocystéine qui malgré son nom ne dérive pas de la cystéine mais de la sérine. La pyrrolysine cependant dérive bien, comme son nom l'indique, de la lysine.

B FAUX Les benzodiazépines sont des agonistes du GABA, elles ne le dégradent donc pas, au contraire l'activent d'autant plus.

C VRAI Un déficit en glutathion peroxydase entraîne une oxydation trop importante qui peut être à l'origine de cardiomyopathie.

D FAUX Les unités ne sont pas bonnes, la longueur du trajet est exprimée généralement en cm. On pouvait se rendre compte que les unités ne correspondaient pas puisque la longueur était en mm et le coefficient en cm^{-1} .

E FAUX Ce composé essentiel des sels biliaires est produit pas décarboxylation de la **cystéine**.

Question 15 : ACE

A VRAI

B FAUX L'enzyme peptidase signal agit sur la pré-pro-insuline afin d'enlever le peptide signal de 23 résidus et donne la pro-insuline.

C VRAI

D FAUX La digestion citée est une hydrolyse acide, elle détruit donc le tryptophane et non pas la phénylalanine.

E VRAI La liaison isopeptidique concernant un acide aminé acide relie l'extrémité N-Term d'un peptide à la liaison acide de l'aa. Il y aura donc bien deux extrémités C-Term mais une seule N-term.

Question 16 : ABE

A VRAI Le lipide 3 est une phosphatidyléthanolamine et le lipide 4 une phosphatidylcholine. Ces deux lipides sont bien des lipides des membranes plasmiques des cellules et les phosphatidyléthanolamines sont bien retrouvées en majorité sur le feuillet interne.

B VRAI Nous ne retrouvons pas de cardiolipines.

C FAUX C'est un céramide et non pas une sphingomyéline. La sphingomyéline est un céramide possédant une phosphocholine estérifiée sur le groupement hydroxyle libre du céramide.

D FAUX Les HDL vont ramener au foie les ester de cholestérol endogène. Or le lipide 1 est un TAG, il sera donc plutôt transporté par les chylomicrons.

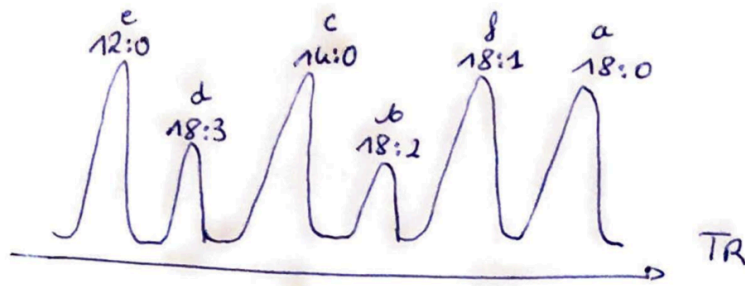
E VRAI

Question 17 : BCE (2 points)

Tout d'abord pour résoudre cet exercice il faut identifier les différents lipides qui vont être analysés :

- a : Action d'une phospholipase A1 sur le lipide 3 libère un AG (18 : 0), l'acide stéarique.
- b : Action d'une phospholipase A2 sur le lipide 3 libère un AG (18 : 2), l'acide linoléique.
- c : Action d'une phospholipase A1 sur le lipide 4 libère un AG (14 : 0), l'acide myristique.
- d : Action d'une phospholipase A2 sur le lipide 4 libère un AG (18 : 3), l'acide α -linoléique.
- e : L'acide n-dodécanoïque (12 : 0).
- f : L'acide oléique (18 : 1).

Ensuite on peut réaliser le profil d'HPLC en se souvenant qu'en HPLC le temps de rétention augmente avec le nombre de carbones et diminue avec le nombre d'insaturations :



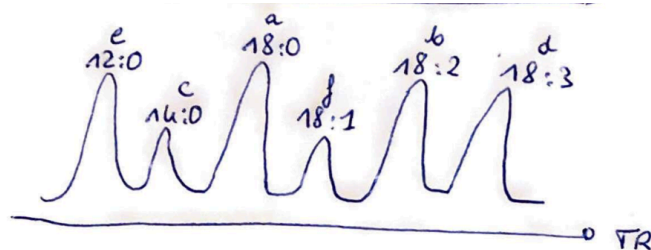
Pour réaliser ce graphique on se souvient qu'une insaturation équivaut à un peu moins de 2 carbones.

A FAUX L'acide myristique (le c) n'est pas essentiel.

B VRAI

C VRAI

D FAUX En CPG le temps de rétention augmente avec le nombre de carbones et le nombre d'insaturation. Le profil de CPG sera donc :



Cela ne correspond pas à l'ordre donné dans l'item.

E VRAI La température de fusion augmente avec le nombre de carbones et diminue avec le nombre d'insaturations, donc l'AG (18 : 1) aura une température de fusion inférieure à l'AG (18 : 0).

Question 18 : BC

A FAUX L'indice de saponification dépend du nombre de liaison ester et non pas éther.

B VRAI L'hydrolyse en milieu alcalin du lipide 1 donne un glycérol, un AG (18 : 1) : l'acide oléique donc le lipide f de notre HPLC, un AG (16 : 0) : l'acide palmitique et un AG (16 : 1) l'acide palmitoléique.

C VRAI L'indice d'iode augmente avec le nombre d'insaturations et le nombre de carbones.

D FAUX L'hydrogénation est le processus qui va permettre de rompre les doubles liaisons. S'il y a moins de double liaison alors l'indice d'iode sera moins élevé.

E FAUX Les plasmalogènes présentent des liaisons esters donc leur indice de saponification ne sera pas nul.

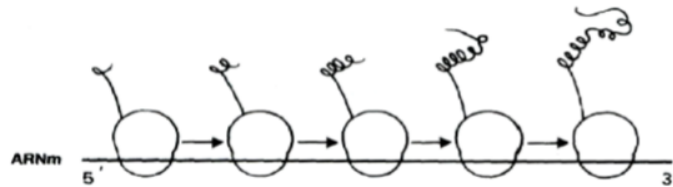
Question 19 : ABC

A VRAI

B VRAI La théorie du wobble veut qu'un ARNt soit capable de reconnaître différents codons grâce à une liaison faible entre la 3ème base du codon et la 1ère base de l'anticodon (séquences complémentaires anti-parallèles).

C VRAI La dégénérescence du code génétique (AA codé par plusieurs codons) permet une économie cellulaire (moins d'ARNt à synthétiser), une accélération de la synthèse peptidique, et une protection contre les mutations. En effet une mutation sur la troisième base du codon sera le plus souvent silencieuse (on obtient le même AA au final).

D FAUX Un polysome, ou polyribosome, permet une accélération de la synthèse protéique par lecture simultanée d'un ARNm par un ensemble de ribosomes.



E FAUX La théorie du wobble permet à un ARNt (soit un anticodon) de reconnaître plusieurs codons. Il y a 32 ARNt pour une vingtaine d'AA et pour 61 codons codants.

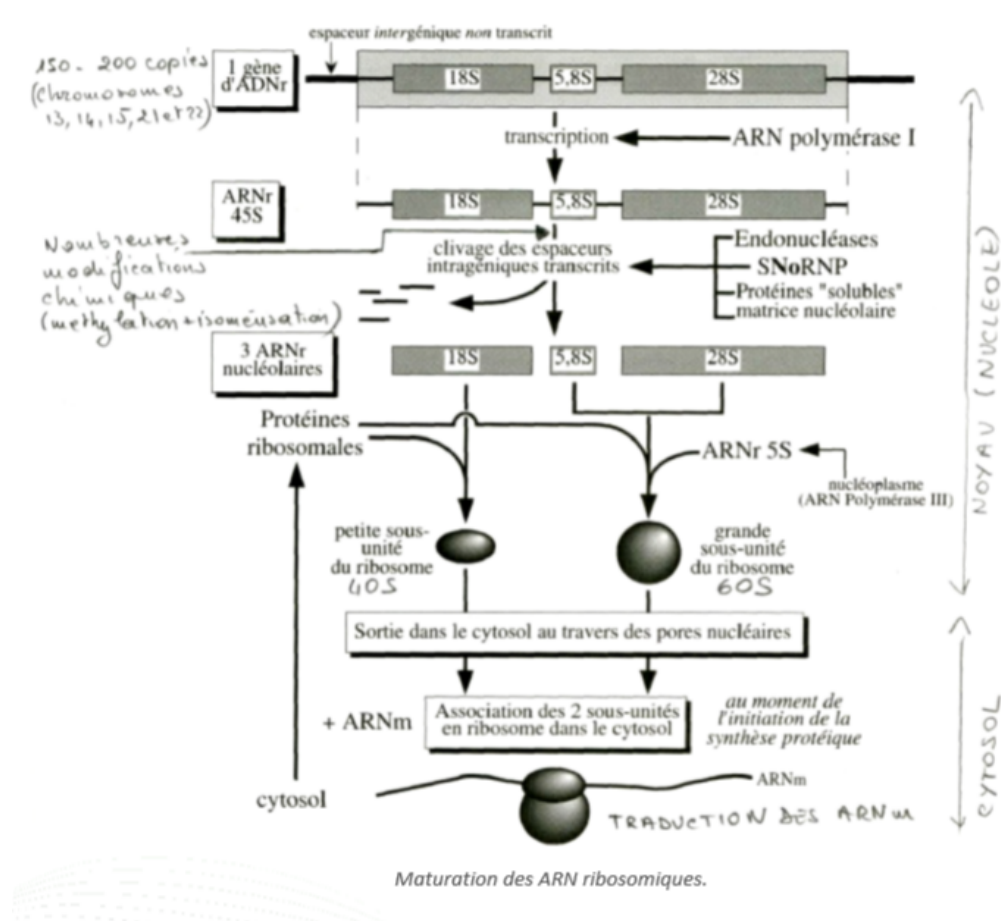
Question 20 : B

A FAUX C'est un répresseur **traductionnel**. Il agit en bloquant le déplacement de la petite sous unité du ribosome.

B VRAI Il est présent en de très nombreuses copies sur les chromosomes 13, 14, 15, 21 et 22. Il donne naissance aux ARNr 5,8 S, 18 S et 28 S.

C FAUX Ce sont des endonucléases qui réalisent le **clivage d'espaceurs intragéniques**. On parle d'épissage uniquement pour les ARNm eucaryotes.

D FAUX Les protéines ribosomiques qui sont -comme toutes les protéines cellulaires- synthétisées dans le cytoplasme, **passent dans le noyau** pour s'associer aux ARNr (chez les procaryotes il n'y a pas de noyau et la transcription se fait directement dans le cytoplasme).



E FAUX Les snoRNP (snoARN + prot) jouent un rôle de guide de méthylation et d'isomérisation de l'ARNr 45 S afin de permettre son clivage par les endonucléases (encore une fois, mécanisme différent de l'épissage). Ce sont les snRNP (snARN + prot) qui permettent la formation du lasso et donc l'épissage de l'ARNm eucaryote.

Question 21 : BDE

A FAUX Toutes les 10⁹ pb.

B VRAI Seulement chez les eucaryotes.

C FAUX Chez les procaryotes l'ADN polymérase I est capable d'éliminer les amorces d'ARN grâce à son activité exonucléasique 5'→3'.

ADN polymérase III	Elle est l' enzyme principale de la réplication . Elle n'agit, en outre, pas toute seule puisqu'elle est liée à d'autres protéines pour former un complexe multimérique nommé holoenzyme .
ADN polymérase I	Elle intervient aussi dans la réplication et possède, en plus, une activité exonucléasique 5'→3' importante dans ce que nous allons appeler la finition du brin et l'élimination des amorces d'ARN.

D VRAI

E VRAI Chez les procaryotes la primase est associée à l'hélicase, elles forment le primosome.

ADN polymérasés	Rôles
α	Elle possède un rôle dans l' initiation de la réplication des fragments d'Okasaki sur le brin retardé. Elle est associée à la primase.
β	Elle agit au niveau de la réparation de l'ADN. ■ Attention. – Elle ne participe pas à la réplication.
γ	Elle joue un rôle dans la réplication de l' ADN mitochondrial .
δ	Il s'agit de l' enzyme majeure intervenant dans la réplication . Elle réalise la synthèse des deux molécules d'ADN filles (continue et discontinue) avec : <ul style="list-style-type: none"> - une activité polymérasique 5'→3' ; - une activité de correction (ou d'édition) : activité exonucléasique 3'-5'. Elle réalise la totalité de la synthèse du brin continu, une partie de la synthèse des fragments d'Okasaki du brin discontinu et elle est impliquée dans la finition des brins (comblement des lacunes). ■ Remarque. – Les fragments d'Okasaki ne mesurent que 100 à 200 nucléotides chez les eucaryotes (10 fois moins que pour les procaryotes).
ϵ	Elle agit au niveau de la réparation de l'ADN. ■ Attention. – Elle ne participe pas à la réplication.

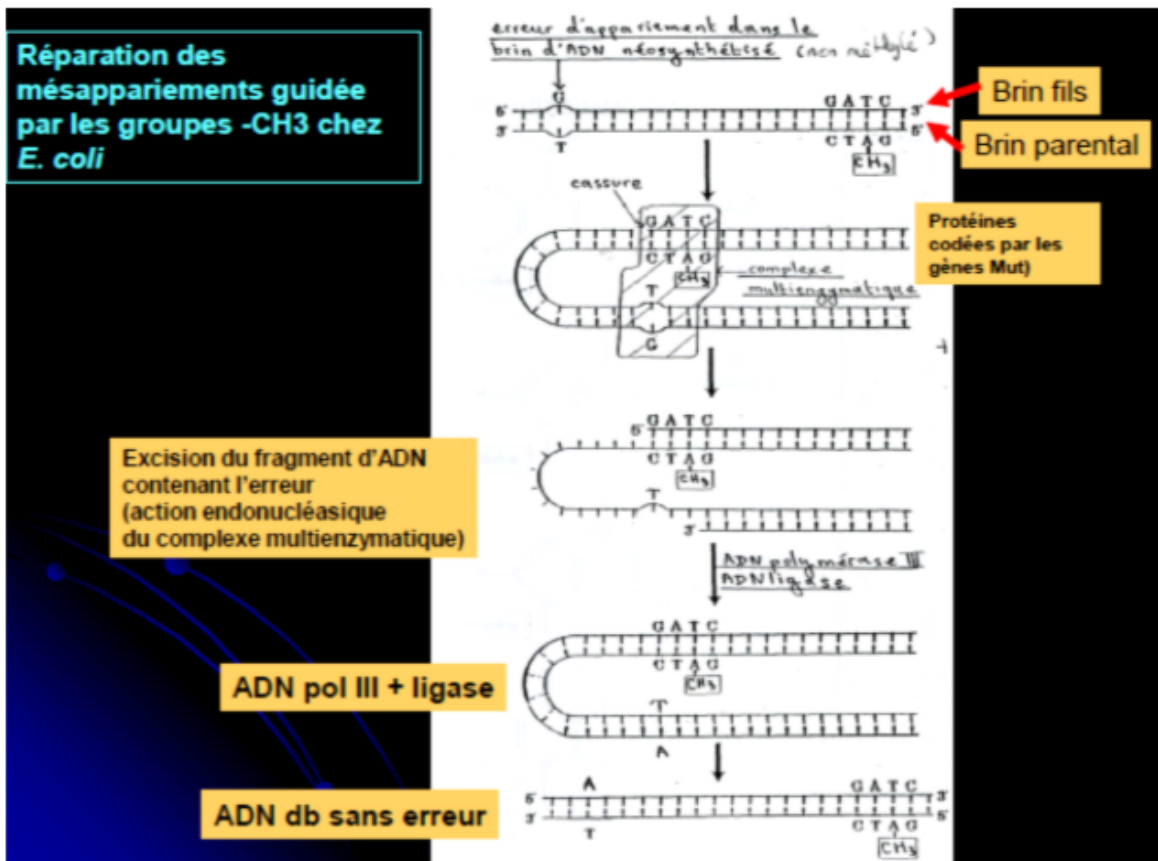
Question 22 : ABE

A VRAI

B VRAI

C FAUX C'est le système BER qui répare les sites AP (désamination, dépurination, dépyrimidation). La NER répare les lésions plus volumineuse telles que les dimères de pyrimidines.

D FAUX Le système MMR (MisMatch Repair) est le système de réparation guidé par les groupes CH₃. Chez E. coli c'est le complexe codé par Mut qui reconnaît les adénines méthylées de GATC. Chez les eucaryotes, il n'y a pas un gène qui code un complexe mais plusieurs gènes codant plusieurs protéines. Elles reconnaissent les cytosines méthylées des îlots CG. Les méthylations permettent de reconnaître le brin parental, l'excision se fera sur le brin fils contenant l'erreur.



Réparation des mésappariements guidée par les groupes CH3 chez E. Coli.

E VRAI Transversion = on change le nature de la base.

Question 23 : CDE

A FAUX La réplication **précède** la division cellulaire.

B FAUX C'est l'inverse, la télomérase est une ADN polymérase ARN dépendante. Elle utilise comme matrice sa séquence interne d'ARN.

C VRAI Comme un ressort relâché.

D VRAI Simple.

E VRAI Basique.

Question 24 : D

A FAUX

B FAUX

C FAUX

D VRAI

E FAUX

Question 25 : B

A FAUX Il y a 372 AA, il ne faut pas compter le codon stop.

B VRAI

C FAUX Il y a 3 introns et 4 exons dont un non codant.

D FAUX Il y a 2 forts et 1 faible (le 1^{er}).

E FAUX Le 1^{er} exon est entièrement non codant.

Question 26 : DE

A FAUX Le 1^{er} exon est seulement rajouté.

B FAUX

C FAUX Ce n'est pas parce que le transcrit est plus grand qu'il sera plus abondant quantitativement que la séquence 1.

D VRAI

E VRAI

Question 27 : ABCE

A VRAI En effet le stéroïde de gauche est bien la prégnénolone. On le reconnaît car il a 21 carbones, une fonction OH en C3 et une fonction =O en C20. C'est le premier stéroïde produit à partir du cholestérol.

B VRAI On voit que le couple NAD/NADH est dans le sens d'une réduction, puisque le NAD⁺ va être réduit en NADH. Ainsi la réaction couplée, la réaction 1, est une d'oxydation.

C VRAI En effet la réaction 2 correspond bien à une isomérisation, on voit que la double liaison passe de delta 5 à delta 4.

D FAUX Le produit formé est la progestérone.

E VRAI On voit bien sur le schéma que la double liaison est au niveau du carbone 5, comme celle de la prégnénolone et non pas sur le carbone 4 comme celle de la progestérone.

Question 28 : A

A VRAI Il s'agit de la déhydroandostérone qui est en effet un substrat de la protéine ENZ1. Elle sera transformée en androstènedione.

B FAUX Il s'agit de la testostérone qui n'est pas un substrat mais un produit de la protéine ENZ1.

C FAUX Il s'agit du cortisol. Il n'est pas un substrat de ENZ1.

D FAUX Il s'agit de l'œstradiol qui n'est pas non plus un produit de ENZ1.

E FAUX Il s'agit de l'aldostérone qui n'est pas non plus un produit de ENZ1.

Question 29 : C

La protéine ENZ1 codée par ce gène est l'hydroxystéroïde déshydrogénase HSB3B2.

A FAUX

B FAUX

C VRAI

D FAUX

E FAUX

Question 30 : BD

A FAUX L'acide aminé obtenu est l'Asn et peut être N-glycosylé mais pas O-glycosylé.

B VRAI

C FAUX

D VRAI

E FAUX Il donne l'oxaloacétate après transamination.

Question 31 : ABD

A VRAI

B VRAI

C FAUX

D VRAI

E FAUX

Question 32 : B

A FAUX

B VRAI

C FAUX

D FAUX

E FAUX

Question 33 : ACDE

A VRAI

B FAUX Le substrat est le NAD+.

C VRAI

D VRAI

E VRAI

Question 34 : DE

A FAUX

B FAUX La bonne nomenclature aurait été c.307+1G>A.

C FAUX

D VRAI

E VRAI L'exon 3 est skippé.

Question 35 : AB

Le but de l'exercice est de savoir qu'est ce qu'on peut observer avec chaque amorce sachant que sur un brin l'exon 3 est skippé et sur l'autre non.

- A VRAI
- B VRAI
- C FAUX
- D FAUX
- E FAUX

Question 36 : BCD

- A FAUX Le 1^{er} variant n'explique rien.
- B VRAI
- C VRAI Nous n'avons rien trouver d'autre dans la séquence codante et comme il faut une 2^{ème} mutation, il est intéressant de regarder dans les introns ou dans le promoteur.
- D VRAI
- E FAUX Si la maladie est récessive il faut qu'il y ait une mutation sur chaque allèle.

Question 37 : ACD

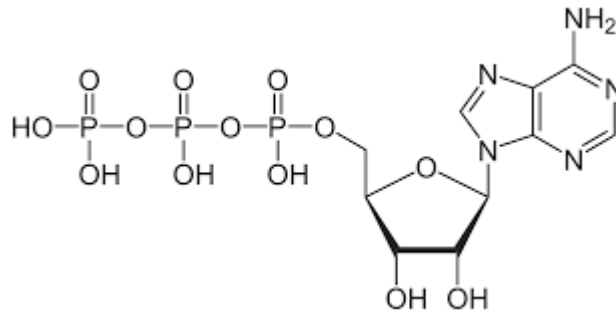
- A VRAI
- B FAUX
- C VRAI
- D VRAI
- E FAUX

Question 38 : ACE (2 points)

- A VRAI La molécule 1 est un iduronate, qui se trouve être un épimère du glucuronate.
- B FAUX La molécule 3 est un N-acétyl **glucosamine** sulfate.
- C VRAI
- D FAUX Il s'agit d'une liaison alpha (1-4).
- E VRAI

Question 39 : BD

- A FAUX L'ATP est une adénosine triphosphate. L'adénine est une base purique. Elle ne peut pas être liée à trois phosphates sans l'intermédiaire d'un ose. L'adénine triphosphate n'existe donc pas. On parle d'adénosine triphosphate.



B VRAI Le potentiel de transfert de son groupement phosphoryl vaut $-7,3$ kcal/mol alors que celui du phospho-énol-pyruvate vaut $-14,8$ kcal/mol. Plus le potentiel de transfert est négatif plus la réaction va être facilitée. Le potentiel de transfert du groupement phosphoryl du phospho-énol-pyruvate est alors supérieur à celui de l'ATP.

C FAUX Le but de la néoglucogenèse est de régénérer le glucose. Pour son bon fonctionnement elle a besoin d'utiliser de l'ATP. De l'ADP sera par ailleurs formé.

D VRAI L'ATP comporte deux liaisons phosphoanhydrides et une liaison ester.

E FAUX La liaison glucidique est une liaison N-glycosidique et pas O-glycosidique.

Question 40 : BD(E)

A FAUX L'insuline se lie à un récepteur à activité tyrosine-kinase.

B VRAI

C FAUX Un anti-corps monoclonal anti-peptide C permettra de détecter la proinsuline dans le plasma puisque la proinsuline contient le peptide C.

<p>Dans une électrophorèse monodimensionnelle on peut révéler les protéines avec le bleu de Coomassie ou le nitrate d'argent.</p>	<p>1 Kda = 8,42 AA</p>
--	-------------------------------

D VRAI On sait que la proinsuline est constituée de 86 AA et comme 8,42 AA fait 1 Kda alors la proinsuline fait $\frac{86}{8,42} = 10,21$ Kda.

E VRAI/FAUX On sait que l'insuline fait 86-35(peptide C) AA =51 AA et comme 8,42 AA fait 1 Kda alors l'insuline fait $\frac{51}{8,42} = 6$ Kda. **Je ne sais pas si pour le professeur Morel 6 Kda est environ égal à 7 Kda donc je préfère la mettre en vrai/faux.**

Question 41 : CDE

L'insuline fait baisser la glycémie. Elle pousse donc dans le sens de la glycolyse.

A FAUX C'est une enzyme de la néoglucogenèse. Il y a trop de sucre, il faut l'empêcher d'en faire encore. L'insuline l'inhibe donc.

B FAUX C'est une enzyme de la glycolyse. Elle est activée car on cherche à se débarrasser du glucose.

C VRAI C'est une enzyme de la néoglucogenèse. On cherche à l'empêcher (la néogluc.), on inhibe donc ses enzymes.

D VRAI Le fructose 6 phosphate est un composé présent dans la glycolyse. La 6 phosphofructokinase entrainera sa formation, son activité sera donc augmentée sous l'action indirecte de l'insuline via l'effet du F2,6BP. L'insuline aura un effet sur la PFK2 en la déphosphorylant.

E VRAI On veut aller dans le sens de la glycolyse. On cherche à phosphoryler le glucose en 6, première étape de la glycolyse. On va donc inhiber la glucose-6-phosphatase qui reformerait le glucose à partir de notre glucose 6 phosphate, elle nous ferait reculer dans la glycolyse.

Question 42 : CD

A FAUX La régulation de la PP1 se fait par phosphorylation / déphosphorylation et non pas via la fixation du glucose.

B FAUX Justement le transporteur GLUT au niveau du foie est GLUT2 et a un Km élevé pour le glucose, et non bas.

C VRAI En effet, la sécrétion d'insuline permettra ensuite de faire baisser la glycémie car c'est une hormone hypoglycémisante.

D VRAI

E FAUX

Question 43 : B

L'enzyme mutée à l'origine de cette pathologie est l'enzyme branchante.

A FAUX

B VRAI

C FAUX

D FAUX

E FAUX

Question 44 : A

A VRAI Tous les variants sont des SNPs.

B FAUX Le variant A ne modifie pas significativement le Km et le Kcat donc on peut supposer que ce n'est pas un SNV.

C FAUX Le variant D induit un codon STOP donc affecte la traduction du transcrit et non son épissage.

D FAUX Les variants A et B conduisent à des mutations faux sens, donc qui ne décale pas le cadre de lecture et qui ne conduit pas à la synthèse d'une protéine tronquée.

E FAUX Le variant C conduit à une mutation NON-SENS car il engendre un codon STOP.
Une mutation faux sens conduit juste à un changement d'AA.

Question 45 : ACD

A VRAI Le variant A ne modifie pas significativement le Km et le Kcat, donc il est probablement bénin.

B FAUX Le variant B présente une affinité diminuée pour le glycogène car il a un Km augmenté par rapport à la forme sauvage (le Km varie de façon inversement proportionnelle à l'affinité).

C VRAI Le variant C est probablement pathogénique car il conduit à une protéine tronquée.

D VRAI Le variant D n'a pas un Km significativement différent de la forme sauvage donc il garde une affinité normale pour le glycogène.

E FAUX La constante catalytique du variant D diffère grandement de celle de la forme sauvage donc le variant D ne conserve pas une activité catalytique normale.

Question 46 : E

Dans l'ordre les étapes expérimentales de la partie WET LAB sont :

Fragmentation – Ligation des adaptateurs – Enrichissement par capture – Génération de clusters – Séquençage par synthèse.

A FAUX

B FAUX

C FAUX

D FAUX

E VRAI

Question 47 : D

Dans l'ordre les étapes bio-informatiques de la partie DRY LAB sont :

Démultiplexage – Alignement sur le génome de référence – Appel de variants – Filtration des variants – Interprétation médicale.

A FAUX

B FAUX

C FAUX

D VRAI

E FAUX

Question 48 : E

A FAUX (En tout cas son nom indique l'hydrolyse de la créatinine).

B FAUX La diminution d'absorbance à 560 nm est proportionnelle à la concentration de créatinine.

Plus il y a de créatinine plus après toutes les réactions secondaires il y aura de composé coloré et donc d'absorbance à 560 nm.

Ainsi, l'absorbance et la concentration de créatinine varie dans le même sens.

C FAUX La cinétique de la réaction catalysée par la Créatinine Amino-hydrolase est d'ordre 1. Nous voulons que la vitesse de réaction soit conditionnée par la concentration de créatinine en sachant que la concentration de créatine et limitante et celle de l'enzyme, elle, est non limitante. La concentration en Créatinine doit donc être inférieure à la concentration de la Créatinine Amino-hydrolase.

En conclusion :

$[S] \ll K_m \rightarrow$ condition pour mesurer un substrat

D FAUX Le mélange réactionnel devrait contenir un excès de Sarcosine oxydase et de manière générale un excès d'enzymes et non de substrats.

E VRAI La pente de la droite $A_{560nm} = f(t)$ représente l'absorbance en fonction du temps. Plus la pente est importante plus l'absorbance en fonction du temps est élevée.

De plus, comme dit à l'item B, l'absorbance et la concentration de créatinine varie dans le même sens, donc plus il y a d'absorbance plus la concentration en Créatinine est élevée.

Il est dit dans l'énoncé que l'élévation de la créatininémie (donc de l'absorbance) témoigne d'une atteinte de la fonction rénale.

Ainsi, plus la pente de la droite $A_{560nm} = f(t)$ est importante, plus la fonction rénale est altérée.