

Université Claude Bernard Lyon 1



Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2018 - 2019

Unité d'Enseignement 1

Correction de l'annale 2017-2018

Mardi 12 décembre 2017

**Sibylle MIRAILLER
Violette SIMON
Alix ROUSSANNES
Christina GOLHAM
Thelma PINTENO
Léonie GARNIER**

Correction rapide

Questions	Item(s) juste(s)
1	ABDE
2	D
3	AE
4	C
5	B
6	CE
7	AB
8	A
9	BCE
10	AE
11	AE
12	ABCE
13	C
14	ACD
15	AD
16	BDE
17	ACE
18	ACD
19	(A)BE
20	C
21	BE
22	DE
23	ABC
24	ABD
25	ACD
26	BCDE

27	ABD
28	DE
29	CE
30	CE
31	BE
32	B
33	BC
34	ACD
35	CE
36	CD
37	CD
38	C
39	B
40	AE
41	CDE
42	ABD
43	CE
44	CE
45	ABCE
46	D
47	ABCDE
48	CD
49	A
50	A
51	BC

Correction détaillée

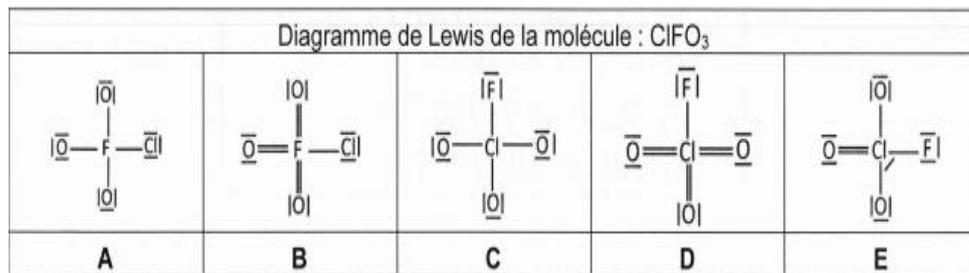
Question 1 : ABDE

- A. **VRAI**
- B. **VRAI** : Un atome peut être excité de différentes manières (champs électriques, champs magnétiques, par des variations de température...). Tout cela peut bouleverser l'arrangement électronique de l'atome. Ainsi en se désexcitant il émet quelques raies lumineuses. Hors ici l'énoncé nous parle d'une seule transition électronique, donc lors d'une transition électronique (où un électron passe d'un niveau d'énergie supérieur à un niveau d'énergie inférieur), il y a bien un seul photon libéré, ce photon possède une énergie bien précise caractéristique des niveaux de l'atome.
- C. **FAUX** : $Y(\theta, \phi)$ est la partie angulaire de la fonction d'onde. C'est $R(r)$ sa partie radiale.
- D. **VRAI** : Il existe un moyen mnémotechnique pour connaître l'ordre d'électronégativité des atomes. Du plus électronégatif au moins électronégatif :

Flore Obligea Claude à de Nombreuses Idioties S-Céniques, Philippe, Bien Situé alla Mangé Li Na k.
→ F>O>Cl>N>Br>I>S>C>P>B>Mg>Li>Na>K

- E. **VRAI** : Un système ouvert en thermodynamique permet d'échanger de l'énergie et de la matière avec l'extérieur.

Question 2 : D



Pour trouver la bonne formule, il faut procéder par étape et respecter certaines règles.

1- L'atome le moins électronégatif doit être au centre

Pour cela, il existe un moyen mnémotechnique (du plus électronégatif au moins électronégatif) :

Flore Obligea Claude à de Nombreuses Idioties S-Céniques, Philippe, Bien Situé alla Mangé Li Na k

Ici, le chlore est l'atome le moins électronégatif, il est donc au centre.

Donc **A et B FAUX**

2- Déterminer les électrons de valence

Pour cela, on détermine les configurations électroniques de chacun de nos atomes.

Oxygène : $1s^2 2s^2 2p^4$ soit 6 électrons de valence

Fluor : $1s^2 2s^2 2p^5$ soit 7 électrons de valence

Chlore : $1s^2 2s^2 2p^6 3s^2 3p^5$ soit 7 électrons de valence

Au total, on a : $7(\text{Cl}) + 7(\text{F}) + 6 \cdot 3(\text{O}) = 14 + 18 = 32$ électrons de valence

3- Déterminer le nombre de doublets à placer

1 doublet = 2 électrons de valence

On a donc $32/2=16$ doublets à placer

Ainsi on compte le nombre de doublets que possède chaque molécule. On voit que la molécule E possède 17 doublets au lieu de 16, elle est donc fautive.

Donc **E FAUX**

4-Calculer les charges partielles des molécules restantes afin de les départager

La formule est $q=v-e-d$ avec v : électrons de valence, e : nombres d'électrons de l'atome participant aux liaisons (on en compte un par liaison car les 2 électrons se répartissent entre les 2 atomes) et d : nombres d'électrons dans les doublets non liants.

Molécule C :

Cl : $7-4-0=3$

F : $7-1-6=0$

O- : $6-1-6= -1$ et comme on a 3 oxygènes on fait $(-1) \cdot 3= -3$

Au total $\sum |q_i|=6$

Molécule D :

Cl : $7-7-0=0$

F : $7-1-6=0$

O= : $6-2-4=0$ comme on a 3 oxygènes doublement liés on fait $0 \cdot 3=0$

Au total $\sum |q_i|=0$

La bonne molécule est celle avec la plus petite charge formelle. Donc c'est la molécule D.

D VRAI et **C FAUX**

Question 3 : AE

- VRAI** : On a un atome central (Cl) relié à 4 atomes périphériques. Enfin, l'atome central ne porte pas de doublets libres donc il n'y a pas de E dans la formule VSEPR pour cette molécule. Sa formule est donc AX_4 .
- FAUX** : Cf item A
- FAUX** : Le fluor est entouré de 8 électrons de valence (on en compte 2 par liaisons et par doublets non liants), il respecte donc la règle de l'octet. Pour dire que le fluor était hypervalent il aurait fallu qu'ils possèdent plus de 8 électrons de valence. Seuls les atomes de période supérieure ou égale à 3 peuvent être hypervalents (ce qui n'est pas le cas du fluor qui est en période 2).
- FAUX** : Cf item E

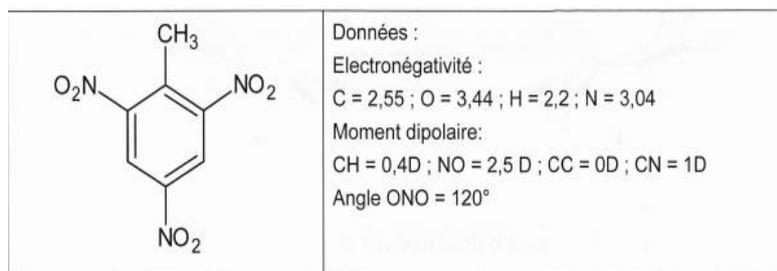
- E. **VRAI** : Les doubles liaisons ont tendance à prendre plus de d'espace que les simples liaisons, il y a donc une déformation de la structure.

Question 4 : C

Il fallait bien faire attention au fait que l'enceinte est DILATABLE !

- A. **FAUX** : L'augmentation de pression n'a pas d'effet étant donné que l'enceinte est dilatable.
B. **FAUX** : Lorsque la température augmente, le système se déplace dans le sens endothermique. Ici la réaction est exothermique car ΔH_r est négatif. Ceci est le sens direct. Donc pour se déplacer dans le sens endothermique la réaction va se déplacer dans le sens indirect.
C. **VRAI** : Si on ajoute un gaz déjà présent dans la réaction alors le système va chercher à s'opposer à notre action : la réaction doit donc se déplacer dans le sens indirect.
D. **FAUX** : L'ajout d'un solide ne déplace pas l'équilibre de la réaction.
E. **FAUX** : Comme dit dans l'item B la réaction est exothermique car ΔH_r est négatif.

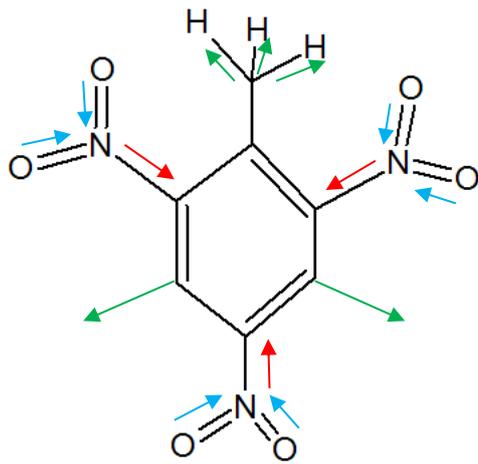
Question 5 : A



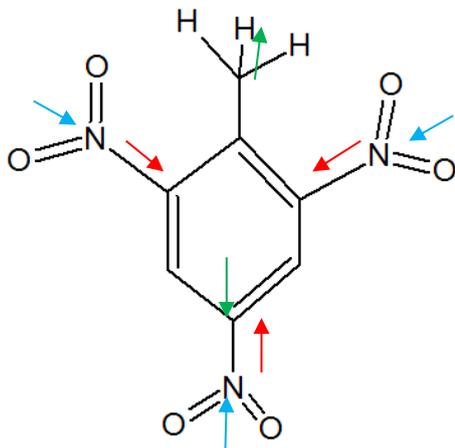
Le moment dipolaire de la molécule ci-dessus est :

- A. 0,0 D
B. 0,4 D
C. 2,5 D
D. 5,4 D
E. 7,9 D

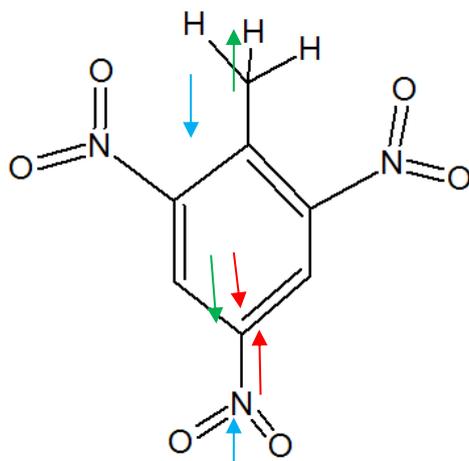
Pour commencer, on détermine le sens des moments dipolaires. Celui-ci va de l'atome le plus électro-négatif vers le moins électro-négatif. Attention à ne pas oublier les 2H liés au carbones en bas à gauche et à droite du cycle. Ce qui nous donne ceci :



On somme les moments dipolaires de même valeur. Ce qui nous donne ceci :



Et on recommence entre une fois, ce qui donne ceci :



Les moments dipolaires représentés par les flèches rouges s'annulent de même pour les bleues. Prenons l'exemple des moments dipolaires N-C. Les 2 N-C du haut convergent vers le bas ce qui nous fait une résultante des deux qui se dirige vers le bas (leur résultante est à la moitié de l'angle formé par les 2 moments dipolaires N-C du haut qu'on a réuni, symbolisés par la flèche noire dans l'exemple juste ici :



Puis on additionne cette résultante des 2 premiers vecteurs avec le dernier moment dipolaire N-C qui lui se dirige vers le haut. Ainsi ils s'annulent. Il en est de même pour le moment dipolaire N-O et C-H.

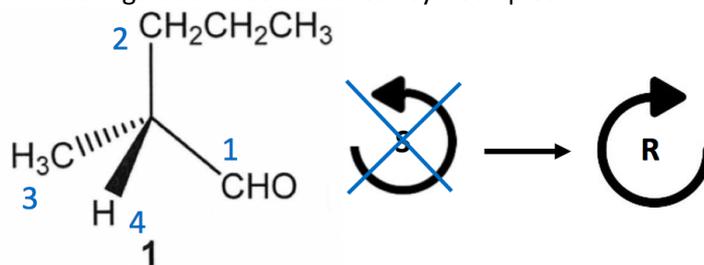
Ainsi tous les moments dipolaires s'annulent entre eux. Le moment dipolaire globale de la molécule est donc de 0D.

Réponse **A VRAI**

Question 6 : **CE**

A. **FAUX** on utilise la méthode suivante :

- trouver la fonction prioritaire : aldéhyde → -al
- trouver la racine carbonée : 5 carbones → racine pent-
- rechercher les fonctions secondaires (disposés par ordre alphabétique) : méthyl en position 2 → 2-méthyl
- configuration des carbones asymétriques :



Le H est positionné en avant on inverse donc le sens lu → R

→ Ce qui donne : (R)-2-méthylpentanal (l'O d'un aldéhyde est forcément en première position).

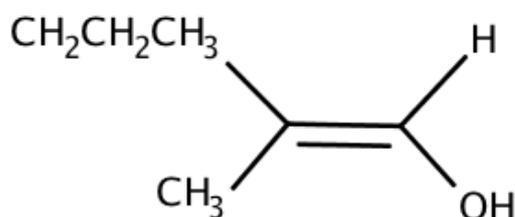
B. **FAUX** on utilise la méthode suivante :

- trouver la fonction prioritaire : alcool → 1-ol
- trouver la racine carbonée : 5 carbones → racine pent-
- trouver les liaisons multiples : une double liaison Z en position 3 → (Z) ... 3-ène
- rechercher les fonctions secondaires (disposés par ordre alphabétique) : méthyl en position 3 → 3-méthyl

→ Ce qui donne : (Z)-3-méthylpent-3-èn-1-ol.

C. **VRAI** elles ont pour seul point commun la même formule brute $C_6H_{12}O$.

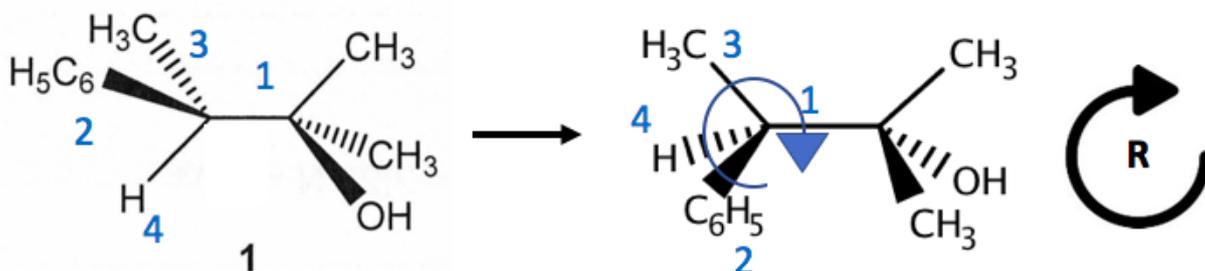
D. **FAUX** la forme énolique de 1 est :



E. **VRAI**

Question 7 : **AB**

- A. **VRAI** le carbone qui porte la fonction alcool est relié à trois groupements qui ne sont pas des H.
- B. **VRAI** On utilise la méthode suivante :
- trouver la fonction prioritaire : alcool en 2^{ème} position → 2-ol
 - trouver la racine carbonée : 4 carbones → racine but-
 - rechercher les fonctions secondaires (disposés par ordre alphabétique) :
 - un phényl en position 3 → 3-phényl
 - un méthyl en position 2 → 2-méthyl
 - configuration des carbones asymétriques : il n'y a qu'un carbone asymétrique, celui de gauche est de configuration R

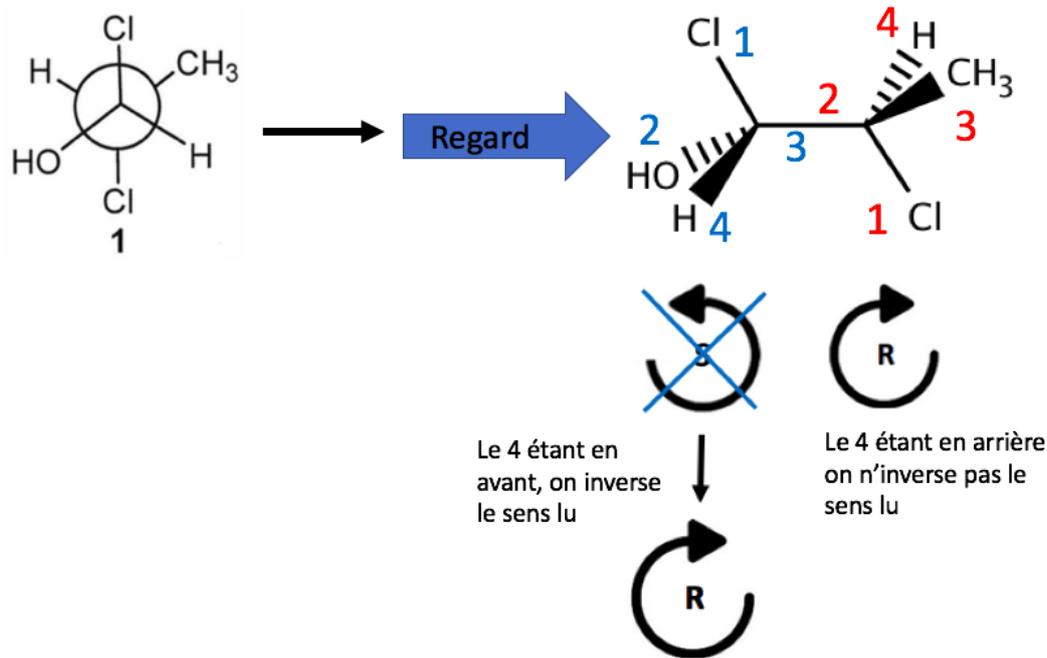


Le 4 est placé dans le plan on effectue donc une rotation pour le mettre en arrière.
→ Ce qui donne le (R)-2-méthyl-3-phénylbutan-2-ol.

- C. **FAUX** ce sont les mêmes molécules vues d'un côté différent.
- D. **FAUX** ce sont les mêmes molécules vues d'un côté différent.
- E. **FAUX** ce sont les mêmes molécules vues d'un côté différent.

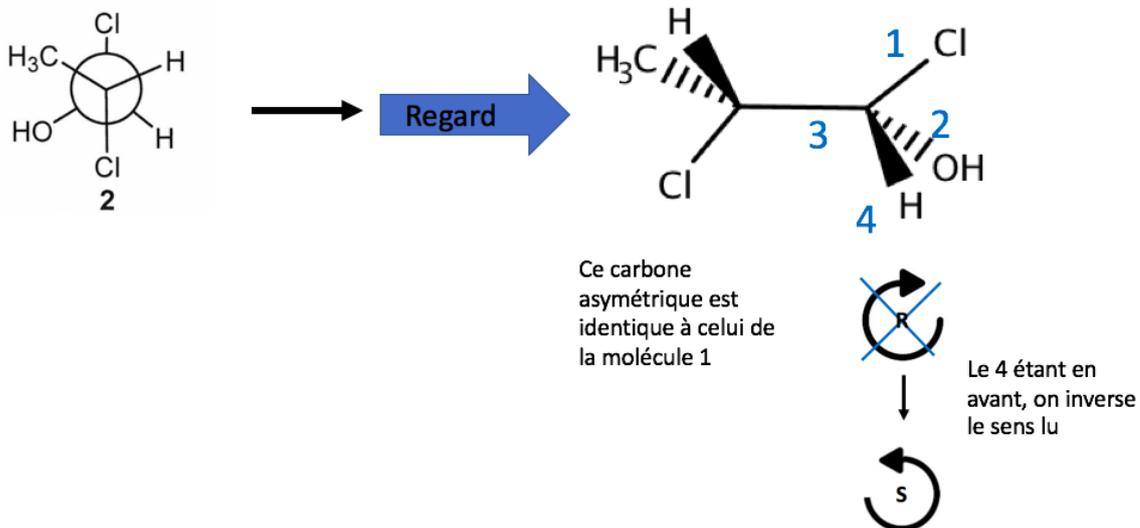
Question 8 : **A**

- A. **VRAI** il possède deux carbones asymétriques, il est donc chiral.
- B. **FAUX** On utilise la méthode suivante :
- trouver la fonction prioritaire : alcool en première position → 1-ol
 - trouver la racine carbonée : 3 carbones → racine prop-
 - rechercher les fonctions secondaires (disposés par ordre alphabétique) :
 - 2 groupements chlore en position 1 et 2 → 1,2-dichloro
 - configuration des carbones asymétriques :



- le carbone 1 est de configuration R \rightarrow 1R
- le carbone 2 est de configuration R \rightarrow 2R
- \rightarrow Ce qui donne le (1R,2R)-1,2-dichloropropan-1-ol.

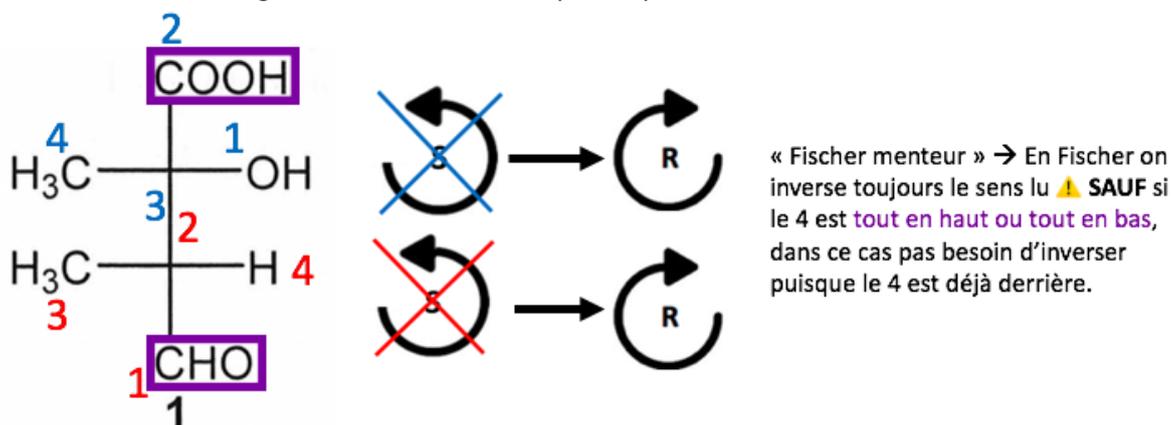
- C. **FAUX** ils sont isomères de configuration et plus précisément diastéréoisomère, puisque leur carbone 1 est de configuration opposée mais pas le 2.



- D. **FAUX** elle ne possède pas les mêmes groupements sur ses carbones asymétriques.
- E. **FAUX** elles sont diastéréoisomères.

Question 9 : BCE

- A. **FAUX** 2 est un composé méso il est donc achiral. Sur une représentation de Fischer un composé méso se reconnaît car on pourrait tracer un axe de symétrie entre les deux carbones asymétriques.
- B. **VRAI** On utilise la méthode suivante :
- trouver la fonction prioritaire : acide carboxylique → acide -oïque
 - trouver la racine carbonée : 4 carbones → racine but-
 - rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique)
 - une fonction alcool en position 2 → 2-hydroxy
 - 2 fonctions méthyle en position 2 et 3 → 2,3-diméthyl
 - une fonction aldéhyde en position 4 → 4-oxo
 - configuration des carbones asymétriques :



- C. **VRAI** leur seul point commun est leur formule brute $C_6H_{10}O_4$.
- D. **FAUX** elles sont isomères de constitution.
- E. **VRAI** sur une représentation de Fischer un composé méso se reconnaît car on pourrait tracer un axe de symétrie entre les deux carbones asymétriques.

Question 10 : AE

- A. **VRAI** On utilise la méthode suivante :
- trouver la fonction prioritaire : aucune particulière
 - trouver la racine carbonée : 4 carbones → racine but-
 - rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) :
2 fonctions méthyl en 2 et 3 → 2,3-diméthyle
- Ce qui donne le 2,3-diméthylbutane.
- B. **FAUX** On utilise la méthode suivante :
- trouver la fonction prioritaire : ester → -oate (élément lié à l'oxygène doublement lié) de -yle (élément lié à l'oxygène simplement lié)
 - trouver la racine carbonée :
 - première partie : 3 carbones → racine prop-
 - deuxième partie : 1 carbone → racine méth-
 - rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) :
 - première partie : une fonction méthyle en 2 → 2-méthyl
- Ce qui donne le 2-méthylpropanoate de méthyle.

C. **FAUX** On utilise la méthode suivante :

- trouver la fonction prioritaire : amine en deux fois en position 2 et 3
→ 2,3-diamine
- trouver la racine carbonée : 4 carbones → but-
- rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) : il n'y en a pas
- configuration des carbones asymétriques : l'un est R et l'autre S (puisque c'est un composé méso)

→ Ce qui donne le (2R,3S)-butan-2,3-diamine (le fait que ce soit un méso est à repérer tout de suite pour éliminer le fait que dans la nomenclature il y ai un seul type de carbone asymétrique).

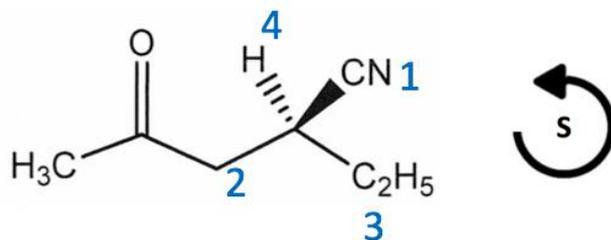
D. **FAUX** On utilise la méthode suivante :

- trouver la fonction prioritaire : il n'y en a pas de particulière
- trouver la racine carbonée : 4 carbones → but-
- rechercher les fonctions secondaires : 2 méthyl en 2 et 3 → 2,3-diméthyl
- il n'y a pas de carbone asymétrique car les deux carbones centraux porte 2 CH₃

→ Ce qui donne le 2,3-diméthylbutane.

E. **VRAI** On utilise toujours la même méthode :

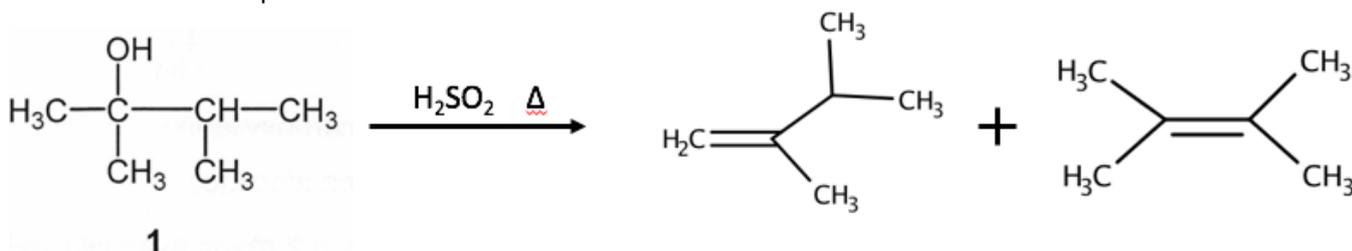
- trouver la fonction prioritaire : nitrile → nitrile
- trouver la racine carbonée : 5 carbones → pent-
- rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) :
 - une fonction éthyl en position 2 → 2-éthyl
 - une fonction cétone en position 4 → 4-oxo
- déterminer la fonction du carbone asymétrique :



→ Ce qui donne le (S)-2-éthyl-4-oxopentanitrile.

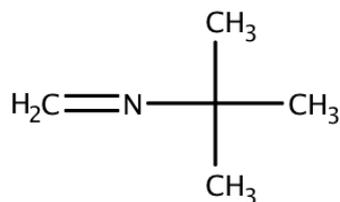
Question 11 : **AE**

Voici la réaction complète :

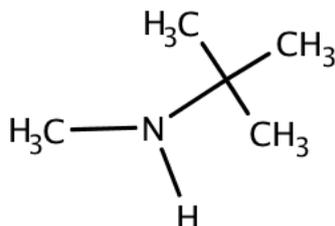


- A. **VRAI** L'alcool 1 est un alcool tertiaire, il s'agit donc du mécanisme E1.
- B. **FAUX** H₂SO₄ est l'acide
- C. **FAUX**
- D. **FAUX** seulement 2 alcènes puisque les doubles liaisons ne sont pas stéréogènes.
- E. **VRAI** ils n'ont pas la même formule développée mais la même formule brute C₆H₁₂.

Question 12 : ABCE



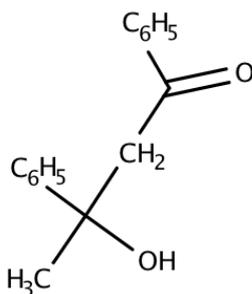
K est l'imine suivante :



L est l'amine secondaire suivante :

- A. **VRAI** il y a une réaction acide-base très rapide, le O⁻ capte un H lié au N.
- B. **VRAI**
- C. **VRAI**
- D. **FAUX** il s'agit d'une réduction.
- E. **VRAI**

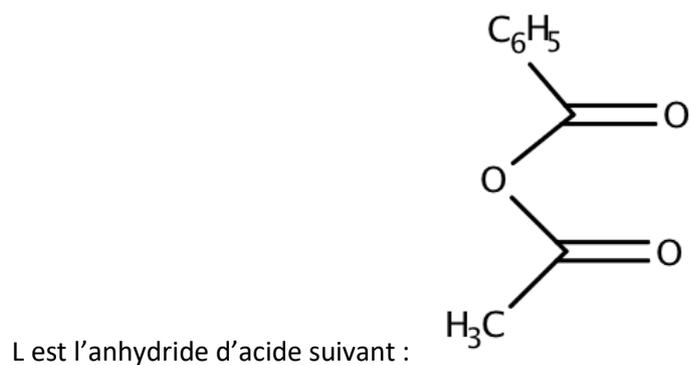
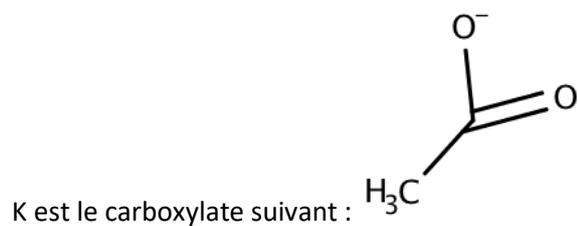
Question 13 : C



La cétole obtenue est la suivante :

- A. **FAUX**
- B. **FAUX** elle correspond à une cétole.
- C. **VRAI**
- D. **FAUX** la première réaction est une déprotonation.
- E. **FAUX** elle est triplement énoisable.

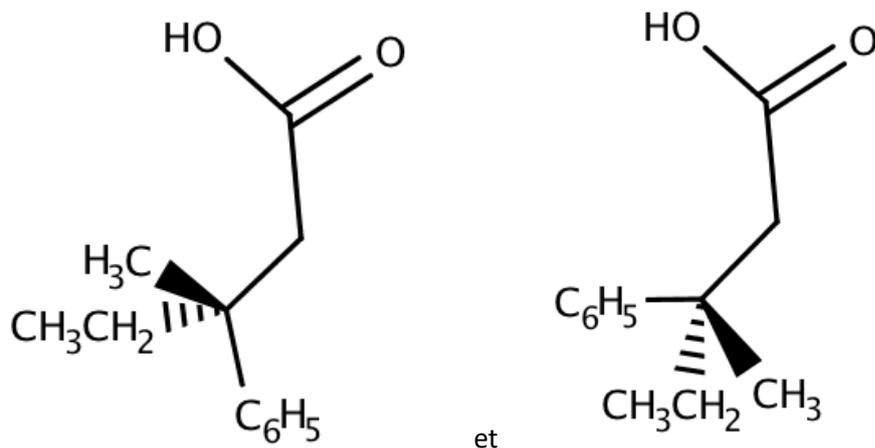
Question 14 : ACD



- A. **VRAI**
- B. **FAUX** c'est un carboxylate.
- C. **VRAI** grâce à sa charge -.
- D. **VRAI**
- E. **FAUX**

Question 15 : AD

Il s'agit d'une synthèse malonique qui forme deux acides carboxyliques énantiomères :



- A. **VRAI**
- B. **FAUX**
- C. **FAUX**
- D. **VRAI** $C_2H_5 = CH_2CH_3$.
- E. **FAUX**

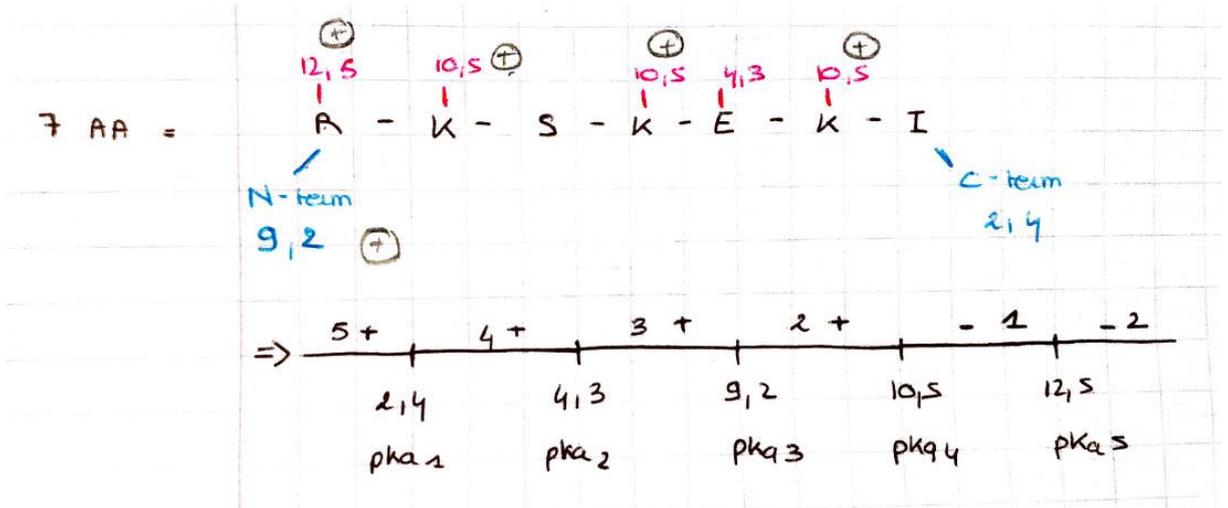
L- / L- / G-D-F- / F- / R-K-S-K-E-K-I- / G-K-E-F- / K-R-I-P-V-Q-R-I- / K-D-F- / L- / R-N-L- / V-P-R-T-E-S
 Nb résidus : 3 7 4 8 3 3 6

Coupure peptidique :

Chymotrypsine en conditions non standards : Coupe après F / Y / W / M / L / I SAUF si Proline derrière

Question 16 : BDE

A. FAUX : Le Point isoélectrique n'est donc pas entre pKa2 et pKa3 mais entre pKa3 et pKa5.



B. VRAI : Il y a bien un peptide de 8 AA produit après digestion par la chymotrypsine (voir figure ci-dessus).

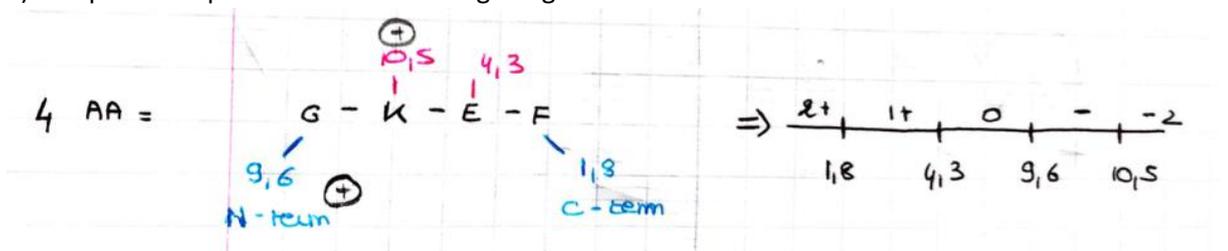
C. FAUX : Il n'y a pas deux peptides de 4 AA chacun.

D. VRAI : Les AA libres produits pas la digestion sont L et F, or la phénylalanine (F) est un AA aromatique qui absorbe dans les UV à 257 nm.

E. VRAI : Les AA libres produits pas la digestion sont L et F, ce sont tous deux des AA essentiels (Mémo : **HoT MILK FoR WV**).

Question 17 : ACE

A. VRAI : Le peptide de 4 AA présente bien dans sa séquence 2 AA à chaîne latérale chargée (K et E) et à pH = 10 il possède bien une charge négative.



B. FAUX : Le polypeptide digéré par la chymotrypsine est un PAM, il fait donc partie de l'immunité INNÉE et non de l'immunité acquise. Par contre, il peut être présent dans les muqueuses chez l'Homme.

C. VRAI : Le peptide de 8 AA possède bien dans sa séquence 2 fois un AA avec 2 carbones asymétriques : Il s'agit de l'Isoleucine (I) → K-R-I-P-V-Q-R-I.

- D. **FAUX** : Pour qu'il y ait une réaction qui forme un réactif **délectable** avec le réactif de Biuret il faut que le peptide soit au minimum un tétrapeptide (4 AA), or nous avons 3 peptides de 3 AA. Tous les produits de la réaction ne seront donc PAS TOUS détectés en dosage direct par colorimétrie à 540nm.
- E. **VRAI** : L'AA en C-term est une Sérine (S) : un excès de phosphorylation de la protéine Tau est caractéristique des pathologies neurodégénératives regroupées sous le terme de tauopathies.

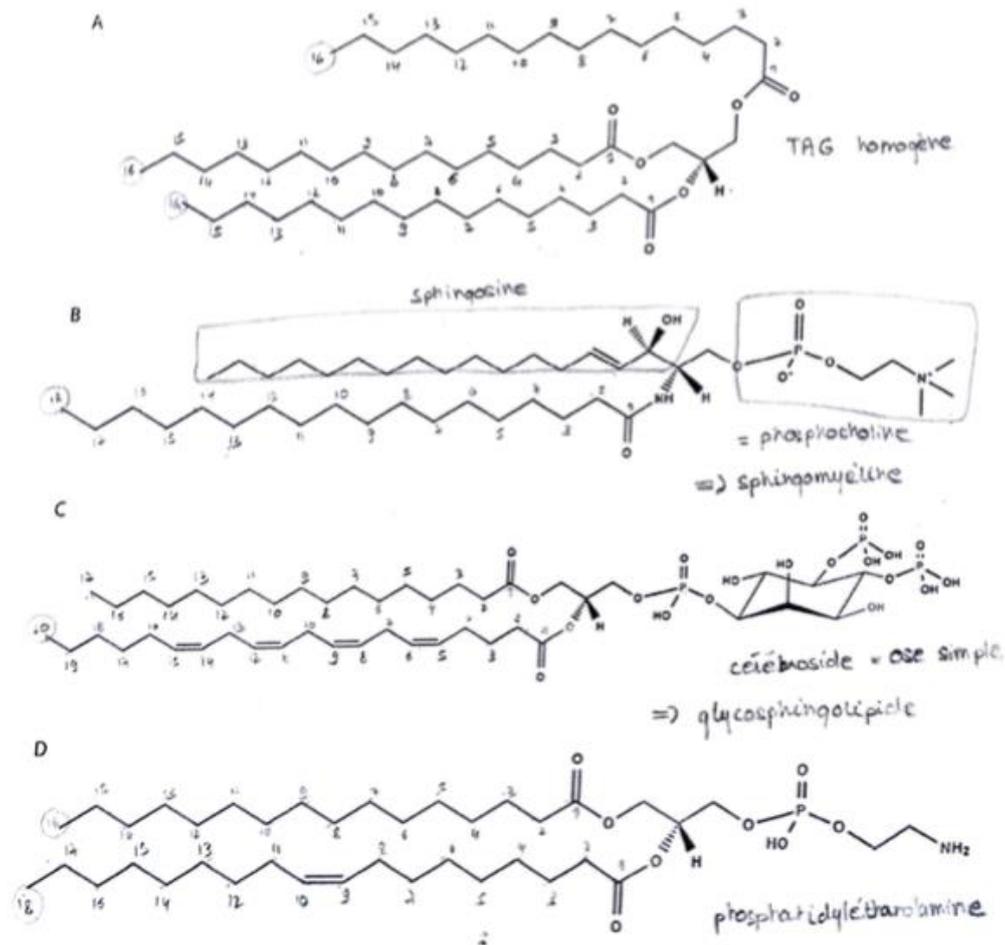
Question 18 : **ACD**

- A. **VRAI** : C'est du cours.
- B. **FAUX** : Le test de Guthrie détecte la phénylcétonurie (due à mutation du gène de la phénylalanine hydroxylase). Détection de la présence de **Phe** dans le sang.
- C. **VRAI** : Une résine cationique retient les charges positives, la solution contre-ions utilisée est donc bien une solution contenant des ions chlorures (Cl⁻) qui sont négatifs.
- D. **VRAI** : L'enzyme galactosyltransférase est impliquée dans la O-glycosylation de l'hydroxylysine qui participe à la stabilisation du collagène. Elle peut donc avoir un impact sur la structure des fibres de collagène.
- E. **FAUX** : La décarboxylation est un processus IRRÉVERSIBLE.

Question 19 : **(A)BE**

- A. **FAUX / VRAI** : Une des 3 grandes classes des peptides antimicrobiens cationique est celle des peptides contenant un pourcentage élevé d'un seul AA, ici ce pourrait être W, mais je ne suis pas sûr de cet item.
- B. **VRAI**
- C. **FAUX** : La diarginylinsuline est générée après la coupure de la pro-insuline par PC1 et elle sera ensuite coupé par la carboxypeptidase E pour donner l'insuline mature
- D. **FAUX** : La Gramicidine S est bien un peptide cyclique mais il n'a pas de liaison isopeptidique, c'est la Bacitracine qui contient une cyclisation et une liaison isopeptidique.
- E. **VRAI** : L'isothiocyanate de phényl est un réactif utilisé en HPLC (séparation selon l'encombrement et la charge R).

Question 20 : C

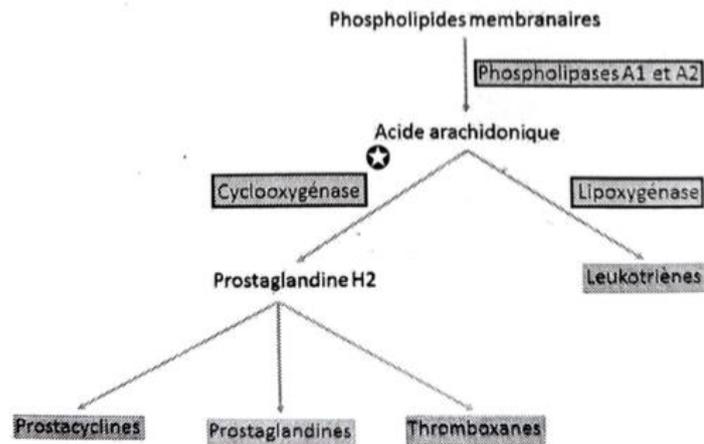
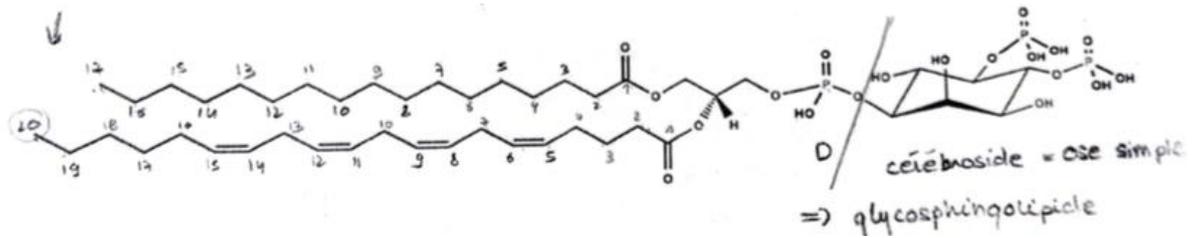


A : TAG
B : Sphingomyéline
C : Glycosphingolipide
D : Phosphatidyléthanolamine

- A. **FAUX** : Le lipide A est un TAG, ce n'est donc pas un constituant des membranes biologiques.
- B. **FAUX** : Le glycérophospholipide (D), la sphingomyéline (B) ainsi que le glycosphingolipide (C) sont des lipides complexes. MAIS le TAG (A) est un lipide simple.
- C. **VRAI** : Le lipide B est une sphingomyéline qui est bien un composant de la gaine myéline.
- D. **FAUX** : Le lipide A est un TAG, il est donc transporté à 90% par les chylomicrons, et aussi un peu par les VLDL mais PAS par les HDL.
- E. **FAUX** : Le lipide C est un glycosphingolipide qui est un lipide membranaire constituant du tissu nerveux du cerveau mais il n'est pas un précurseur de la formation de second messenger, ce sont les icosanoïdes qui sont à l'origine des seconds messagers.

Question 21 : BE

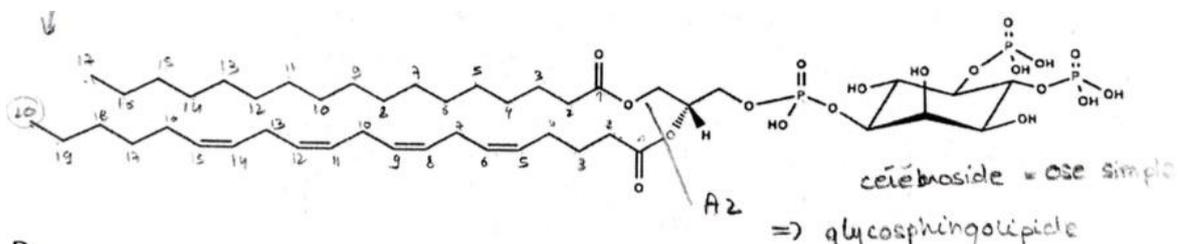
- A. **FAUX** : La phospholipase D sur le lipide C libère un acide phosphatidique et un ose simple qui ne sont pas des précurseurs des thromboxanes.



- B. **VRAI** : L'action de la phospholipase C sur le lipide A libère un **diacyl-glycérol (DAG)** et un phospho-alcool.
- C. **FAUX** : G en seconde position sur le lipide A = acide palmitique (16 : 0)
AG en seconde position sur le lipide B = acide stéarique (18 : 0)
Rappel température de fusion : La température de fusion augmente avec le nombre de carbones et diminue avec le nombre de liaisons.
L'acide stéarique a un nombre de carbones plus important que l'acide palmitique (18 > 16). C'est donc l'acide stéarique qui à la température de fusion la plus élevée.
- D. **FAUX** : Le lipide C est constitué d'une céramide + un ose simple c'est donc un **cérébroside**.
- E. **VRAI** : Le lipide B est une **sphingomyéline (SM)** il est donc présent au niveau de la **face externe** des membranes biologiques. Le Lipide D est un **phosphatidyléthanolamine (PE)** il est donc présent au niveau de la **face interne** des membranes biologiques.

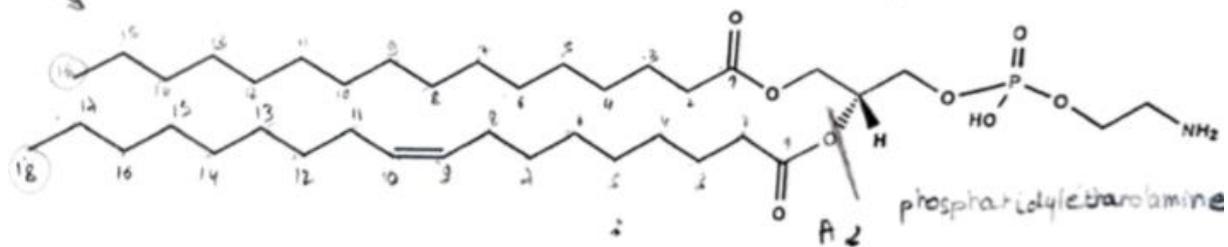
Question 22 : DE

1 : Le produit de la réaction de la phospholipase A2 sur le lipide C = l'acide arachidonique (20 : 4)



2 : L'acide laurique (12 : 0)

3 : Le produit de la réaction de la phospholipase A2 sur le lipide D = l'acide oléique (18 : 1)

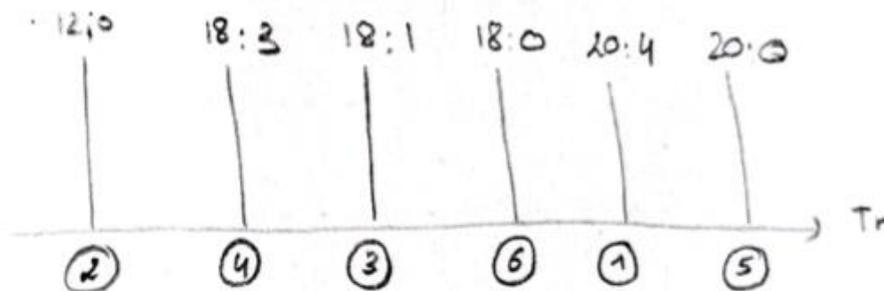


4 : L'acide alpha-linolénique (18 : 3)

5 : L'acide arachidique (20 : 0)

6 : L'acide octadécanoïque = acide stéarique (18 : 0)

Rappel règles HPLC : Tr augmente avec le nombre de carbones + Tr diminue avec le nombre de doubles liaisons.

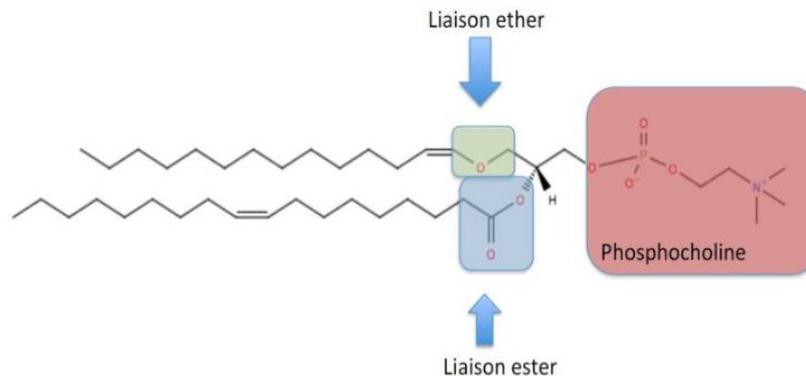


- A. **FAUX** : Le Tr de l'AG 3 est inférieur à celui de l'AG 5 car l'AG 3 a un nombre inférieur de carbones ($18 < 20$) et un nombre supérieur de doubles liaisons ($1 > 0$).
- B. **FAUX** : **Rappel Chromatographie en phase gazeuse : Tr augmente avec le nombre de carbones + Tr augmente avec le nombre de doubles liaisons.**
DONC l'ordre d'apparition est : 2 / 6 / 3 / 4 / 5 / 1
- C. **FAUX** : Voir item B.
- D. **VRAI** : L'ordre d'apparition des AA de 2 à 6 est bien : 2 / 4 / 3 / 6 / 5
- E. **VRAI** : **Rappel indice d'iode = masse de diiode en gramme capable de se fixer sur les insaturations de 100g de corps gras (équivalent en cg/g).**
→ Plus un AG à d'insaturations (= doubles liaisons) plus son indice d'iode sera important.
Ainsi dans l'ordre croissant : 3 (18 : 1) < 4 (18 : 3) < 1 (20 : 4)

Question 23 : ABC

- A. **VRAI** : Il y a bien génération d'AG trans lors d'une hydrogénation partielle.
- B. **VRAI** : Céride = AG + alcool gras.
- C. **VRAI** : C'est la définition du cours (**Terpène = polymérisation et remaniement de l'isoprène** par condensation d'isoprène).
- D. **FAUX** : Ce sont les céramides qui sont des dérivés de la Sphinganine.

- E. **FAUX** : Les plasmagènes ont une **liaison éther** et une **liaison ester** (une des liaisons ester ayant été remplacée par une liaison éther) → Attention elles ont bien les deux types de liaisons.



Question 24 : **ABD**

- A. **VRAI** : Elle est également semi-conservative.
- B. **VRAI** : En effet, cette enzyme a pour but de synthétiser une amorce d'ARN, elle est donc ARN polymérase. La matrice qu'elle utilise pour sa synthèse est une molécule d'ADN, elle est donc ADN dépendante.
- C. **FAUX** : Cet item est cependant vrai pour les eucaryotes. En effet, les eucaryotes possèdent plusieurs origines de réplication (entre 20 000 et 100 000). Elles ne sont pas toutes activées en même temps mais par groupe de 20 à 80. Ce sont ces groupes qu'on nomme unité de réplication. Ainsi, chez les eucaryote ces unités de réplifications ne sont pas toutes activées en même temps. Tandis que chez les procaryotes, il y a une unique origine de réplication et non pas plusieurs et par conséquent il n'y a pas d'unité de réplication.
- D. **VRAI** : Les fragments d'Okazaki sont synthétisés par une ADN polymérase, qui comme toutes les polymérases polymérisent dans le sens 5'→3'.
- E. **FAUX** : Attention, seul le brin retardé est discontinu avec la synthèse de fragments d'Okasaki à partir de plusieurs amorces d'ARN. Sur le brin discontinu, l'ADN polymérase suit le sens inverse de la fourche de réplication. Tandis que le brin avancé est continu et l'ADN polymérase suit le sens de la fourche de réplication.

Question 25 : **ACD**

- A. **VRAI** : La télomérase est une ribonucléoprotéines qui synthétise de l'ADN c'est donc une ADN polymérase. Pour cette synthèse, elle utilise de l'ARN pour amorce, elle est donc dépendante de cet ARN, sans qui elle ne pourrait pas réaliser de synthèse d'ARN. Elle est donc bien ARN dépendante.
- B. **FAUX** : Attention les hélicases agissent avant que viennent se positionner les protéines SSB sur l'ADN. En effet, l'hélicase va catalyser l'ouverture de la double hélice d'ADN qui est sous forme double brins. On va avoir une rupture des liaisons hydrogènes qui sont entre les nucléotides des 2 deux brins parentaux. Et une fois que l'ouverture de la double hélice d'ADN est réalisée, les protéines SSB viennent se positionner sur les monobrins d'ADN pour éviter qu'ils ne se réappariant.

- C. **VRAI** : La protéine PCNA eucaryote est l'équivalent du clamp procaryote. Cette protéine permet l'attachement de l'ADN polymérase δ à l'ADN parental pour éviter qu'elle ne se détache de l'ADN trop vite. La processivité est la capacité d'une enzyme à polymériser sur une plus ou moins longue distance. Donc plus une enzyme est processive plus elle reste attachée longtemps à l'ADN parental. Elle augmente donc sa processivité du fait qu'elle reste accrochée sur l'ADN parental plus longtemps que si ce système n'existait pas.
- D. **VRAI** : En effet, l'activité exonucléasique 3' vers 5' est une fonction de correction ou "d'édition". Elle permet de vérifier que le nucléotide que l'ADN polymérase vient d'incorporer est le bon et donc qu'elle n'a pas fait d'erreur. Moins il y a d'erreur, plus l'enzyme est fidèle. Ainsi, la fidélité des ADN polymérases dépend de leur activité exonucléasique 3' vers 5'.
- E. **FAUX** : Attention cette enzyme est retrouvée chez les procaryotes et non chez les eucaryotes. Cependant elle possède bien une activité exonucléasique 5' vers 3' qui sert pour la finition des brins et l'élimination des amorces d'ARN.

Question 26 : BCDE

Soit la séquence suivante d'ADN génomique : 5' ACTGGTCGCTGCAGTC 3'

Suite à des lésions de l'ADN la séquence suivante est obtenue après deux réplifications :

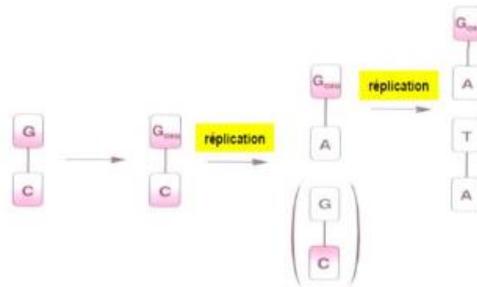
5' ACTTGTCGTTACGGTC 3'.

Les mutations de l'ADN après deux réplifications sont celles en bleues :

5' ACTTGTCGTTACGGTC 3'.

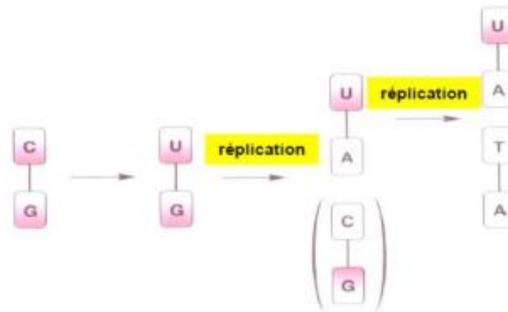
- A. **FAUX** : Une substitution par transversion est le remplacement d'une base purique par une base pyrimidique ou inversement. Le premier G est remplacé par un T on a donc bien une substitution par transversion. (Il y a eu deux réplifications, on compare donc avec la séquence qui nous est donnée dans l'énoncé. En effet, après la première réplication, on se retrouve avec la séquence complémentaire et antiparallèle à celle donnée dans l'énoncé. Puis lors de la deuxième réplication, on obtient la séquence complémentaire et antiparallèle à la séquence issue de la première réplication, on retrouve donc la séquence qui nous a été donnée dans l'énoncé.). Ensuite le C muté est remplacé par un T, on a donc une substitution par transition (base pyrimidique remplacée par une base pyrimidique). Puis le deuxième G est remplacé par un A donc on a, là encore, une substitution par transition (base purique substituée par une base purique). On a donc pas 3 substitution par transversion sur les 4 substitutions.
- B. **VRAI** : Parmi les lésions spontanées de l'ADN nous avons une oxydation des bases. Ces bases se retrouvent altérées. Lors d'une oxydation de la guanine en oxoguanine, on aboutira au remplacement du G/C en T/A après deux réplifications. La thymine remplace la guanine, comme c'est le cas dans notre exercice. Je vous mets le schéma du cours pour mieux comprendre :

Oxydation de la guanine en oxoguanine : remplacement de G/C en T/A après deux réplifications.



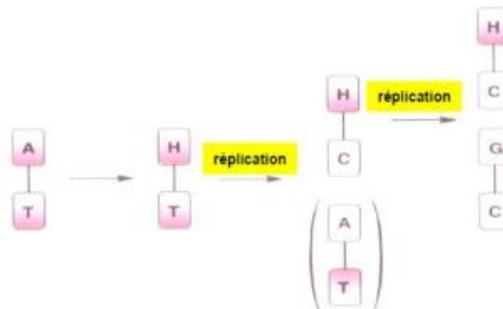
- C. **VRAI** : La désamination d'une cytosine, qu'elle soit spontanée ou oxydative, forme un uracile. Donc après la première réplification on aura un U/A ou un C/G et après la deuxième réplification on aura soit un U/A soit un T/A. On aura donc bien le remplacement d'une cytosine par une thymine. Je vous mets le schéma du cours pour vous aider à comprendre :

Désamination de la cytosine en uracile : remplacement d'un C/G en T/A après deux réplifications.



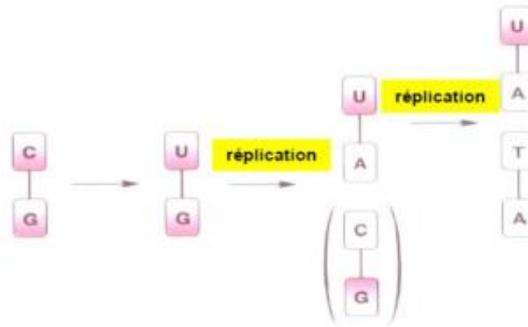
- D. **VRAI** : Le système BER est utilisé pour la réparation des désaminations spontanées, dépurinations spontanées et dépyrimidations spontanées. Ceci est le cas pour la deuxième mutation qui peut être le résultat d'une désamination spontanée. C'est aussi vrai pour la dernière mutation (Cf correction item E). Ces mutations peuvent donc être réparées par le système BER (système d'excision-réparation de bases).
- E. **VRAI** : La dernière mutation est le remplacement d'une adénine par une guanine. Lorsque l'adénine est désaminée elle est transformée en hypoxanthine. Cette mutation aboutit au bout de deux réplifications au remplacement d'un A/T en G/C. Après la première réplification nous obtenons donc un H (hypoxanthine)/C au lieu de A/T et un autre A/T. Puis lors de la deuxième réplification on obtiendra à la fois un H/C et un G/C. On aura donc bien eu le remplacement d'une adénine en guanine :

Désamination de l'adénine en hypoxanthine : remplacement d'un A/T en G/C après deux réplifications.



Par le même mécanisme la deuxième mutation peut être le résultat de la désamination de la cytosine en uracile qui aboutit au remplacement d'un C/G par un T/A :

Désamination de la cytosine en uracile : remplacement d'un C/G en T/A après deux réplifications.



Question 27 : ABD

Figure 1

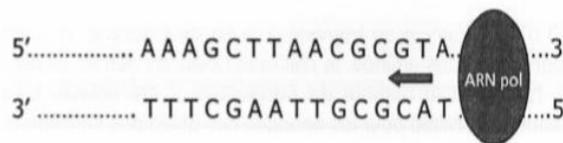


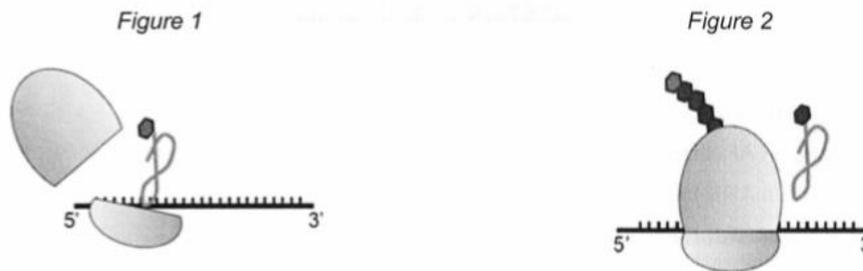
Figure 2



- A. **VRAI** : Le brin antisens est bien le brin transcrit. C'est celui qui sert de matrice à l'ARN polymérase. Il est qualifié d'antisens car l'ARN polymérase va synthétiser un ARN complémentaire et antiparallèle à l'ADN. Sur notre figure c'est bien le brin supérieur car l'ADN polymérase doit se déplacer dans le sens 3' vers 5' sur le brin antisens pour pouvoir polymériser un ARN dans le sens inverse (car antiparallèle) donc dans le sens 5' vers 3'.
- B. **VRAI** : La séquence va être la même que celle du brin d'ADN non transcrit qui est appelé brin sens ou non transcrit ou encore brin non matrice. Le brin non transcrit sur notre schéma est le brin inférieur. Donc le transcrit aura la même séquence que le brin inférieur, à la différence près que les thymines seront remplacées par des uraciles.
- C. **FAUX** : Attention chez les procaryotes, le facteur sigma est lié à l'holoenzyme. Il se détache donc de l'holoenzyme et non de l'enzyme cœur. De plus c'est au cours de la transcription et non à sa terminaison que ce facteur se détache. L'enzyme qui en résulte et qui est dépourvu de facteur sigma est nommée enzyme cœur. Celle-ci va réaliser la suite de l'élongation ainsi que la fin de la transcription.
- D. **VRAI** : La plus importante est la boîte TATA (5'-TATAAA-3'). Nous retrouvons également d'autres séquences comme la CCAAT box et la GC box. Ces séquences vont réguler l'initiation de la transcription et donc sa fréquence.
- E. **FAUX** : Sur la figure 2, on retrouve le précurseur des ARN ribosomiques 5,8S, 18S et 28S qui est l'ARN ribosomique 45S. Attention, le phénomène de maturation des ARN ribosomiques est un processus différent du phénomène d'épissage. On va avoir un clivage des espaceurs intragéniques transcrits par interventions des snoRNP. Elles jouent le rôle de guide de méthylation et d'isomérisation de l'ARNr 45S. Ceci va permettre le clivage des espaceurs

intragéniques par des endonucléases. ATTENTION, CE MECANISME EST DIFFÉRENT DU L'ÉPISSAGE.

Question 28 : DE



- A. **FAUX** : Il s'agit soit de la méthionine (si on est chez les eucaryotes) soit de la N-formylméthionine (si on est chez les procaryotes). En effet le gros complexe gris clair que l'on voit correspond au ribosome avec sa petite et sa grande sous unité. L'autre forme qui comporte à son extrémité un losange gris à contour foncé est un ARNt. Sur la figure 1, c'est le premier ARNt que l'on voit, tandis que l'on voit sur la figure 2 que la protéine est en cours de traduction et qu'un autre ARNt rejoint la réaction. Ainsi, comme on a le premier ARNt, le losange gris à contour foncé correspondra au premier acide aminé des protéines. Le premier acide aminé des eucaryotes est en général une méthionine et chez les procaryotes c'est une N-formylméthionine.
- B. **FAUX** : L'ARNt initiateur lie la séquence dans le sens 5' vers 3'. En effet, il se fixe avec la petite sous-unité du ribosome au niveau de la coiffe située en 5' et après se déplace le long du transcrit en direction 3' à la recherche d'un codon AUG. Le premier codon qui sera lu ne sera donc pas celui situé à l'extrémité 3' de la séquence mais celui avant qui est situé pas loin de la 5' (ce sera celui en bleu que je vous ai surligné dans la séquence) :
 5' G C C G C C [A/G] C C **A U G** G U A A C A C C C A U G 3'.
- C. **FAUX** : C'est l'inverse, la dégénérescence du code génétique signifie qu'un même acide aminé peut être codé par différents codons. Ceci s'explique par le fait qu'il y ait 64 codons alors qu'il n'y a que 20 acides aminés naturels.
- D. **VRAI** : Cette séquence va faire que le ribosome ne reconnait pas le codon UGA comme un codon stop mais comme un codon codant pour une sélénocystéine. Ainsi après avoir dépassé ce codon, le ribosome va continuer la traduction jusqu'à ce qu'il rencontre un codon qui sera reconnue comme un codon stop.
- E. **VRAI** : Les tétracyclines agissent sur les ARNm procaryotes. Comme il n'est pas précisé dans l'énoncé s'il s'agit d'un ARN eucaryote ou procaryote, on peut supposer qu'il s'agit d'un ARN procaryote. Les tétracyclines bloquent la liaison des amino-acyl-ARNt (qui correspondent à la forme des ARNt quand ils sont liés à leur acide aminé) au niveau du site A du ribosome. Sur la figure 2, on voit que l'ARNt arrive au niveau de l'ARN et du ribosome pour se fixer dessus, les tétracyclines vont donc bloquer cette réaction.

TRAITEMENT DE LA SEQUENCE

Ci-dessous, vous trouverez les 5 pages de la séquence du concours. Pour mieux les comprendre :

- A gauche en noir sont numérotés les exons (1 à 9/9') et à droite en bleu sont numérotés les introns.
- Ce qui est surligné en **violet clair** représente les exons non codants ou les portions non codantes d'exons. On a un exon entièrement non codant et deux exons partiellement codants (le premier et le dernier). Attention, la dernière portion non codante n'a pas été surlignée : Pour GRalpha, tout est non codant après l'exon 9. Pour GRbêta, la portion d'ADN entre l'exon 8 et l'exon 9' est un intron. La portion non codante surlignée en rose après l'exon 9' correspond à la fin du dernier exon pour GRalpha et GRbêta.
- Ce qui est surligné en **bleu**, ce sont les sites donneurs des introns : GT.
- Ce qui est surligné en **orange pastel**, ce sont les sites accepteurs des introns : (C/T)AG
- Dans la première page et la quatrième, la base surlignée en **jaune** correspond à la mutation étudiée dans le problème.
- Enfin, sur la deuxième et la troisième page, ce qui est surligné en **rose clair** correspond aux AA donnés pour la séquence de GRbêta. On a l'exon 8 qui code pour GRbêta et l'exon 9'. Attention, GRbêta a aussi tous les autres exons **sauf le 9**.
- Les « +1 », « +2 » et « +3 » correspondent au numéro du dernier AA de chaque exons dans un triplet de nucléotides (est-ce que c'est la première deuxième ou troisième base codant pour l'AA en dessous)

exons

introns

Séquence 1

ACGGGGCGTGCAGGCGCCGTCGGGGCCGGGGTGGCGGGGCCCGCGCGGAGGGCCTGGGGGCAGGGACCGGGGCGCCCC 80
 TGCAGTTGCCAAGCGTCACCAACAGGTTGCATCGTTCGCCGGCGCCGCGCGCGCCCTCGGGCGGGGAGCGGGCGGGG 160
 GTGGAGTGGGAGCGCGTGTGTGCGAGTGTGTGCGCGCCGTGGCGCCGCTCCACCCGCTCCCGGCTCGGTCCCGCTCGCT 240
 CGCCAGGCGGGGCTGCCCTTCGCGGTGTCGCGCTCTCTTCCTCCGCCGCGCCCTCCCTCATTTTTCGAGCTCGTGT 320
 TGTGACGGGAGCCGAGTACCCGCTGCCGCTCGGGGACGATTCGTGGGTGGAAGGAGACCGCGAGCCGAGCGGGC 400
 GAAGCAGCTGGGACCGGGACCGGGCACCGCGCCGGAACCTCGACCCGCGGAGCCCGCGCGGGGGGAGGGCTGCCT 480
 GTCAGCTGGCAATGGGAGACTTTCTTAAATAGGGGCTCTCCCCACCCATGGAGAAAGGGGCGGTGTTTACCTCT 560
 TTTTGTAGAAAAAATATATTTTCCCTCTCTCTCTGCGTTCACAAGCTAAGTTGTTTATCTCGGCTGCGCGGGA 640
 ACTGCGGACGGTGGCGGGGAGCGGCTCTCTGCCAGAGTGAAGCGAGGCGGGAGGGGGCCGGGGCGCGCTCGCTCC 720
 CCCAGGTGCCGCTGGGACCGGAGACAACCTCGGGGGCCCGCGGGAGCCTACAACTTTTATAGCCTCGGGGAGTGG 800
 GGTGGGGGCTGGCAAGGGCCGGGCGACGGTGACGAAAGGGCAGCGCGGGTGACAGCGCTGGCCTCTCTCTCCCTC 880
 CCGAGGCGTCCCTTGCGGGGCGAGGGGGAGGAACTGACCTCGGACGGCGAGCGGAGCCCTGTCGAACTGCCGGGG 960
 TTCAGCCCTCTATTCCCTCGCGGGAATCTGGCCTCTTTCTCCCTTAGTGTCCCTTTCCCTCCAAGGGGGTCCCGG 1040
 ACACCCGTTTTCTGTTGAAACGCTAAGCCGCTCTGAATTTTACTCGCCGAATATTTGCACGCCACCCCGCGCGCCG 1120
 AGCGGAGCGGGGCTCCGGGGAGGCCCGCGCGCGCTGGCTTGGAGAGGGCGTGGGGGCGGTGAGGGTGCACACCC 1200
 GGGGGGCTGACAGCCGCAACTTGGAGACTGCGGGCGGGGCGGGCTTATCTGTTAGAAGTGGGCTGTCGGAGAGAGA 1280
 CTCAACAGGTCTGGACGTACTTCTCTTTTAACTCGCACTTTTCTCTTCCACCCCGCCCGCAAGGGCTTGTCT 1360
 TTAGCGTTTGTGTTAATTTCGCGCTGAGGTTTCTAAGTGGCCCTTTTAGAAAAAGACCCCTGTAACCGTAATGGTT 1440
 TGTGCTGCGATTTTACAAGTGTAGTTTGGGTTTGCAGACTTGATAATTGCAACCTTGTAAATACCACTTAAG 1520
 ACCCTGTGCATGGTTTACGGTCTAGGGCAATTAATGTGGCTGGTTTATTTGCAACTTAACTGGGGGATAATGTCG 1600
 GGAGCGTTTTCGTTTTAGGAAATATGTTTTGGTTTTCGGTTTGAAGGCAGCTGCAAAAAAGCGCATGGAATTCAT 1680
 GGGCTCCATTCGATACCTCGTGTGTAGAGATCGTTATCGCCTCAGATAAACGGGGCAGAGAGTGGGGGATAAGCAG 1760
 TACCCTCAAGATTTGTAGTGGCAAGTCCACACCCCTCTCTACCTTCAATTCATTTTTCAGTGAGGGCCAGTAC 1840
 TATGCTGCATAGCTTACGTTTACGGTCTAGGAAAGTTACCTTTTATGGACGGGATTTGACTATAGTGTCCCAAT 1920
 CCGTCTAGCCATCTCTTAAACACCCCTGATTAACGATATACTAACAGTCTTACTCTCTTGAGAATAGGCTGAGA 2000
 GGATAGGTGAAGTTTGGATAGGTGAAGGCAGAGAAAATATTTTGAACATTTTACTGGATACAGTTGTACCTGA 2080
 TATGAATGTGATTTACGTTCTGTGTTTTCCATTTTTCAGTACTTCGATATTTGTTTGGAAAGGAAAGAACTTAG 2160
 TGTAATAGCATTTCATATGAGGATCTCAAGCAATGTAACAAATGTAGCTTAATCTAGATGTTTTTGTGAGTTAT 2240
 AGGGTCAGCTATATTTAAGTTATGTAAGCTAACCAAGTGTAGGAAACTACTACACCTTCTCTCTGCTCTTTAA 2320
 AAATTTAGTTGGCTATATAAAGTGTATCTCATTTTCAATAATCCAAAATTTGGAGGTAGGCACATCCAGTCAG 2400
 GGGTTAAAAAGCCCTTTCCAGCCTGTCGGAAGATAAGCAGATCAGCATGTTTATTTTCAAAGAAAACGTGCAT 2480
 CACCAGTGGTGTACTCAAAGTTTGGATGTGTGACTAGCTGGTAGGAGGAAATTTGGAAGTAATAGGGATGAGA 2560
 TTCTAGCATAGTATTTATCAATGTTATATGATTGGTTCTCAGAAAAGCAACAGCCGTTGTTGAAAAGAGGTAG 2640
 TTTAATGATCACACTTCCCTTTTTTGAATTAATACTTTTGACATCAACTTGAACCTTCAGAATAATCAGATGTA 2720
 TTATAATGTCTGTGATTAACAAGCTACACGTTTTCAGTGGGAGGAGGATGAATAGCCAAAGCTTAGTTCGATA 2800
 CCTCAGCTGTGCAAAATGGATTGCATTTGACTTTTAAATGTGGCATGCTGAATGGGAGCAGGGGACATGGCT 2880
 TGGAAAGTAAAGAACTACTTCTGGTAAACAAGAAATTTGATTCGGAGTTAACTAAAAGGTTTCAATTAACAAG 2960
 TACTAATCGGATCAGGAAGATAATGTGACTTTAGAGCTTATGATGTTTTCCCGGTTTTTGTTTTTTGTAGTTG 3040
 ATATTCAGTATGACTCCAAAGAACTAATACTCCTGGTAGAGAAGAAAACCCAGCAGTGTGCTTGCCTCAGGAG 3120
 M D S K E S L T P G R E E N P S S V L A Q E R 23
 GAGATGTGATGGACTTCTATAAAACCCTAAGAGGAGGAGCTACTGTGAAGGTTTTCTGCGTCTTACCCTCACTGG 3200
 G D V M D F Y K T L R G G A T V K V S A S S P S L A V 50
 GCTTCTCAATCAGACTCCAAGCAGCGAAGACTTTTGGTTGATTTTCCAAAAGGCTCAGTAAGCAATGCGCAGCG 3280
 A S Q S D S K Q R R L L V D F P K G S V S N A Q C Q P D 77
 TCTGTCCAAGCAGTTTCACTCTCAATGGGACTGTATATGGGAGAGACAGAAAACAAAGTGTGGAATGACCTGG 3360
 L S K A V S L S M G L Y M G E T E T K V M G N D L G 103
 TCCCACAGCAGGGCCAAATCAGCCTTTCCCTCGGGGAAACAGCTTAAAGCTTTTGGAAAGAACATGCAACCT 3440
 F P Q Q Q Q I S L S S G E T D L K L L E E S I A N L N 130
 AGGTCGACCAGTGTTCAGAGAACCCCAAGAGTTCAGCATCCACTGCTGTGCTGCTGCCCCACAGAGAAGGAG 3520
 R S T S V H G V S T P E N P K S S A S T A V S A A P T E K E T F P 157
 AAAAACTCACTCTGATGATCTTTCAGAACAGCAACATTTGAAGGGCCAGACTGGCACCACCGTGGCAATGTGA 3600
 K T H S D V S S E Q Q H L K G Q T G T N G G N V K L 183
 ATACCACAGACAAAGCACCTTTGACATTTTGCAGGATTTGGAGTTTTCTTCTGGGTCGCCAGGTAAAGAGAC 3680
 Y T T D Q S T F D I L Q D L E F S S G S P G K E T N E 210
 AGTCTTGGAGATCAGACCTGTTGATAGATGAAAAGTGTGCTTTCTCTGCGGGGAGAGACGATTCCTTTT 3760
 S P W R S D L L I D E N C L L S P L A G E D D S F L L 237
 GGAAGAAACTCGAATGAGGACTGCAAGCCTCTCATTTTACCGGACACTAAACCCAAAATTAAGGATAATGGAG 3840
 E G N S N E D C K P L I L P D T K P K I K D N G D L 263
 TTTTGTCAAGCCCAAGTAACTGACCCCAAGTAAACAGAAAAAGAAATTTTCACTGCAACTCTGCACCCCTGG 3920
 GTAATTAAGCAAGAGAACTGGGACAGTTTACTGTCAGGCAAGCTTTCCCTGGAGCAAAATATAATGGTAATA 4000
 V I K Q E K L G T V Y C Q A S F P G A N I I G N K M S 317
 TGCCATTTCTGTTTATGGTGTGAGTACCTCTGGAGACAGATGACCCTATGACATGAATACAGCATCCCTTT 4080
 A I S V H G V S T S G Q Q M Y H Y D M N T A S L S Q 343
 AGCAGGATCAGAAGCCTATTTTAAATGTCATTCACCAATTCCTGTTGGTTCCGAAAATGGAAATAGGTGCCA 4160
 Q Q D Q K P I F N V I P P I P V G S E N W N R C Q G S 370
 GGAGATGACAACCTGACTTCTCTGGGACTCTGAACCTCCCTGGTTCGAAAGTTTTTCTAATGGCTATTCAAG 4240
 G D D N L T S L G T L N F P G R T V F S N G Y S S +2 395

1

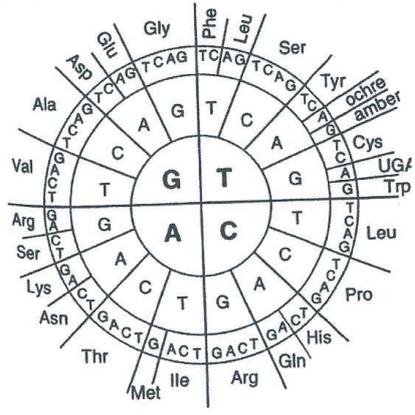
1

2

TCAGTGTTTTCTGTTCTTAAAGATGGTACATTTAAGGTAGATTAATAGATGTAATCTTCATTGATTTATATGTGTTTC 4320
TCTAAAGATTTCATGTGCTTTTTTATATGAATAAGTTAAGTGGCCTTTTTGAAAGTAGGAAAGGTAGACAACCTAAGTGAC 4400
(----) 2
GAAGAATATAACATGATTTGAATATATTTAGCTAGGATATTTTAGTGCCTGCTAGCACTTGAAGCCAGAGTTCACCTGTGA 7280
GCATCTGACTATGAAGTGAGAAGCTAAGAGAACTGATTTTGATATTCCTTTGACAGTTAAATCATAACACTGTTCTTC 7360
CCCTTCTTTAGCCCCAGCATGAGACCAGATGTAAGCTCTCCTCCATCCAGCTCCTCAACAGCAACAACAGGACCACCTCC 7440
+3 P S M R P D V S S P P S S S S T A T T G P P 418
CAAACCTCTGCTGGTGTGCTCTGATGAAGCTTCAAGGATGTCATTATGGAGTCTTAACTTGTGAAGCTGTAAGTTTTTCT 7520
K L C L V C S D E A S G C H Y G V L T C G S C K V F 444
3 TCAAAAGAGCAGTGGAAAGCTAGTGTGTTTTGAAGAGTTATTTTTCTCTACTTGGTTTTCTCAGGGTGATT 7600
F K R A V E +1 450
TTGAAATTTCCATTATATGCAAAGCCATGAAAGGCTAAATATCAGTTAAGAGGGGAGAGGGGTGGCTCCTAGGTCCT 7680
CTAATGGGCAGGAAAGTATTTAAAACAACAATACAAAAAGATCTAGAATAAAAATGAAAAGTACAAGTTGATGTCTGGGA 7760
(----) 3
CATTCCCTCAAGCAACACCTGTGGGTGCTTGGTTATATTCACCGGAAACAAAGACAGAGGCTGTCTTATAAAATAT 11280
GTTTGAAGACCTGTGAAACTTTAATAGTGCCTTTTATCCATATAGGACAGCACAAATACCTATGTGCTGGAAGGAATGA 11360
+2 G Q H N Y L C A G R N D 462
TTGCATCATCGATAAAATTCGAAGAAAAACTGCCAGCATGCCGCTATCGAAAATGCTTTCAGGCTGGAATGAACCTGG 11440
C I I D K I R R K N C P A C R Y R K C L Q A G M N L 488
4 AAGGTAATATAAATATCTGAAAGCAATGTTTGTCTCTGTAGCTTATAAAAAATTTATCATTTTACTTTTGAAGATACAG 11520
E +1 489
TAAGCAGATGTAATTAATGTAGTCAGTTTCAAGTATATATGCTTACTGACATAATGTTACTGCCAATAAAAAATGGGAA 11600
(----) 4
TAAATAAAAATTTCTCCCATCTTAATAGTTTTAGAAAAGTAAAAATACTTCTTGAATAAACTGTGTAGCGCAGACCTTCC 16160
CATTACAGTTCATTTCTATGATTTGTTTAAATACCCACAGCTCGAAAAACAAGAAAAAATAAAGGAATTCAGCAGG 16240
+2 A R K T K K K I K G I Q Q 502
CCACTACAGGAGTCTCACAAAGAACTCTGAAAATCCTGGTAAACAAAACAATAGTTCTGCAACGTTACCACAACCTACC 16320
A T T G V S Q E T S E N P G N K T I V P A T L P Q L T 529
5 CCTACCTGGTGTCTGTTGGAGGTTATTTGAACCTGAAGTGTATATGAGGATATGATAGCTCTGTTCCAGACTCAAC 16400
P T L V S L L E V I E P E V L Y A G Y D S S V P D S 556
TTGGAGGATCATGACTACGCTCAACATGTTAGGAGGGCGGCAAGTATTGCAGCAGTGAATGGGCAAGGCAATACCAG 16480
W R I M T T L N M L G G R Q V I A A V K W A K A I P 582
GTAAAGTGCAAAACATAAAAGCAACTATATAAACCTTTGTGTTTTCTTCAGCAAAACACTTTGGCTTTTATATCATC 16560
GTGAGCCATGGCTTATCTTTCTTCTTGTAGTTCTGGGACTATGAAGGGGAGAGTCAGGTGAATACAGGTGATAGGGAG 16640
(----) 5
GAAAATGTGTCTACCTAGTATTTAATTTCCATTTTCTGTTAGGGGTGCCCTTGTGTTGACAGGGCTAATTTGATCTCATT 18080
GCTCCTTGGAATTTCCACAGAGATGATCTTCTGAAGAGTGTTCCTCATACCTTTATTTCTCTTAATTCAGGTTTCAGG 18160
+2 G F R 585
AACTTACACCTGGATGACCAATGACCCTACTGCACTGCTGAGTCTGCTGGATGTTTCTTATGGCATTGCTCTGGGGTGGAGATC 18240
N L H L D D Q M T L L Q Y S W M F L M A F A L G W R S 612
6 ATATAGACCAATCAAGTGCAAACTGTGTGTTTTGCTCCTGATCTGATTATTAATGAGTAAGTTGATGTGTGTCATTTT 18320
Y R Q S S A N L L C F A P D L I I N E +2 631
CCCTGTATTTCATAGGGTATCTTTAACCCAGCTGATGTTTTCTGATTGACTGCTATTGTGATAATTCAGGACTGAAACAAT 18400
CCTACTAGGTATCTAGGATCTAGGCAAACTGGAATAAGAGTTATGAGTGTCTGGGGCAGGACAAGTGAATGTAAGCAA 18480
(----) 6
TGAGTTCATAGTTTTGCAAAACAAAACAAAATGTCCTTTTTGGGGGGAAGTAGCAGTATTTCTAACTAATACCTGCTA 21360
TTTATCTTTTACAGGCAGAGAATGACTCTACCTGCATGTACGACCAATGTAACACATGCTGTATGTTTCCCTGAGTT 21440
+3 Q R M T L P C M Y D Q C K H M L Y V S S E L 653
7 ACACAGGCTTCAGGTATCTTATGAAGAGTATCTCTGTATGAAAACCTTACTGCTTCTCTTTCAGGTTGGTAGAACACCT 21520
H R L Q V S Y E E Y L C M K T L L L L S S +1 674
TTTCACCTTATGTCAAAAGCATGAAATATGAAGCCTAGAAAACAAAGGTTAATTTATATACATAGTACTAATAAATTATAC 21600
CAAGTCTACTATTATTTCTACTAGTCAGATGATTTTTATGAATGTAATAATTAGAAAAGGCACAGTAAGTGCACCAAG 21680
(----) 7
TGAGCTATGATTATGCCACTGCACTCCAGCCTGGATGACACAGTGAACCCATCTATCTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAA 25040
AAGAAAAGAAAAGAAAATCCTTTAAGTACTTCACTTAACTTTTAGTTCCTAAGGACGGTCTGAAGGCCAAGAGCT 25120
+2 V P K D G L K S Q E L 685
8 ATTTGATGAAATAGAATGACCTACATCAAAGAGTAGGAAAAGCCATTGTCAAGAGGGAAGGAAACTCCAGCCAGAACT 25200
F D E I R M T Y I K E L G K A I V K R E G N S S Q N 711
GGCAGCGTTTTATCAACTGACAAAACCTTTGGATTCTATGCATGAAGTAAGTGTCAAACATAAAGCCAAATATAAGAGT 25280
W Q R F Y Q L T K L L D S M H E +3 727
TTTTCTGGGACAAAGTATGTTTTGATTAGTGAATAAATATATACCAGCAGCGCCCCACCCCGCCCCAGTTTGTGGA 25360
TGTGGTGTAGCTTGGTTCAACTTATGAATTCAGTTTTGTAGACATTTTTCTCAAGCCAATATGAAATATCCCTT 25440
(----) 8
CCAGATAATTTTTTCAAAATAGAGGACAACAACATGAGATGTTCCCACTGACCAATTTGGAAGCCTGATCATTACCATA 25760
TCTTCTTTCAGGTTGGTTGAAAATCTCCTTAACTATTGCTTCCAACATTTTTGGATAAGACCATGAGTATTGAATTC 25840
+1 V V E N L L N Y C F Q T F L D K T M S I E F 749
9 CCGAGATGTAGTGAAATCATCACCATCAGATACCAAATATTCAAAATGGAAATATCAAAAAACTTCTGTTTCATCAA 25920
P E M L A E I I T N Q I P K Y S N G N I K K L L F H Q 776
AAGTGACTGCCTTAAATAAGAAATGGTTGCCTTAAAGAAAGTCGAATTAATAGCTTTTATGTAATAACTATCAGTTTGTCC 26000
K * 777

TGTAGAGGTTTTGTTGTTTTATTTTTATTGTTTTTCATCTGTTGTTTTGTTTTAAATACGCACTACATGTGGTTTATAGA 26080
GGGCCAAGACTTGGCAACAGAAGCAGTTGAGTCGTCATCACTTTTCAGTGTATGGGAGAGTAGATGGTGAATTTTATTAGT 26160
TAATATATCCAGAAATAGAAAACCTTAATATGTGGACGTAATCTCCACAGTCAAAGAAAGGATGGCACCTAAACCACAG 26240
TGCCCAAAGTCTGTGTGATGAACCTTCTCTTACATACTTTTTTTCACAGTTGGCTGGATGAAATTTTCTAGACTTTCTGTT 26320
GGTGTATCCCCCCTGTATAGTTAGGATAGCATTTTTGATTATGCATGGAAACCTGAAAAAAGTTTACAAGTGTATA 26400
TCAGAAAAGGAAGTTGTCCTTTTATAGCTATTACTGTCTGGTTTTAACAAATTCCTTTATATTTAGTGAACACGCTT 26480
GCTCATTTTTTCTTACATAATTTTTTATCAAGTTATTGTACAGCTGTTAAGATGGGCAGCTAGTTCGTAGCTTTCCCA 26560
AATAAATCTAAACATTAATCAATCATCTGTGTGAAATGGGTTGGTCTTCAACCTGATGGCACCTAGCTATCAGAA 26640
ACCACAAAAATGACTCAAACTCCAGTATCTTGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTCATATTTGTATATATCTGCTT 26720
CAGTGGAGAAATATATAGGTTGTGCAAAATTAACAGTCCCTAAGTGTATAGAGCACCTAGTCCAGTGACCTGCTGGGTAAA 26800
CTGTGGATGATGGTTGCAAAAGACTAATTTAAAAATAACTACCAAGAGGCCCTGTCTGTACCTAACGCCCTATTTTTGC 26880
AATGGCTATATGGCAAGAAAGCTGGTAACTATTTGTCTTTCAGGACCTTTTGAAGTAGTTGTATAACTTCTTAAAAAGT 26960
TGTGATCCAGATAACAGCTGTAAACAGCTGAGAGACTTTAATCAGACAAAGTAATTCCTCTCACTAAACTTTACCC 27040
AAAAACTAAATCTCTAATATGGCAAAATGGCTAGACACCCATTTTACATTTCCCATCTGTCCACCAATGGTTAATCTTT 27120
CCTGATGTTACAGGAAAGCTCAGCTACTGATTTTTGTGATTTAGAACTGTATGTGAGACATCCATGTTGTAAACTACA 27200
CATCCCTAATGTGTGCCATAGAGTTTAAACACAAGTCTGTGAATTTCTTCACTGTTGAAAATTTATTTAAACAAAATAGA 27280
AGCTGTAGTAGCCCTTCTGTGTGCACCTTACCAACTTTCTGTAAACTCAAACCTAAACATATTTACTAAGCCCAAGAA 27360
ATTTGATTTCTATTCAAGGTGGCCAAATTTTGTGTAATAGAAAATGAAAATCTAATATTTAAAAATATGGAACCTCTA 27440
ATATATTTTTTATATTTAGTTATAGTTTTCAGATATATATCATATTTGGTATTCACTAATCTGGGAAGGGAAGGGCTACTGCA 27520
GCTTTACATGCATTTTAAATGATTGTAATAAGCTTGTATAGTGTAAATAAGAATGATTTTATAGATGAGATTGTT 27600
TTATCATGACATGTTATATATTTTTTGTAGGGTCAAAGAAATGCTGATGGATAACCTATATGATTTATAGTTTGTACAT 27680
GCATTCATACAGGCAGCGATGGTCTCAGAAACCAACAGTTCCTGTAGGGGAAAGGGAGATGGAGACTGGTCTGTGT 27760
GCAGTGAAGGTTGCTGAGGCTCTGACCCAGTGAATACAGAGGAAGTTATCCTCTGCCTCCCATCTGACCACCTTCT 27840
CAATCCAAACAGTGAAGTCTGTACAGCGCAGTTTGTACTCAATCTCCCTTGCACATAAGTATGTAAGTATGTAAACA 27920
GGAGACAGGAAGGTGTGTACTCCTTAAAGGCACCATCTAATAGCGGGTACTTTTCAATACAGCCCTCCCCAGCA 28000
GTTGAATGACAACAGAAAGCTTCAGAAGTTTGGCAATAGTTTGCATAGAGGTACCAGCAATATGTAATAGTGCAGAATCT 28080
CATAGGTTGCCAATAATACACTAATTCCTTTCTATCCTACAACAAGAGTTTATTTCCAATAAAAATGAGGACATGTTTTT 28160
GTTTTCTTTGAATGCTTTTTGAATGTTATTTGTTATTTTCAGTATTTTGGAGAAATATTTAATAAAAAACAATCATTT 28240
GCTTTTTGAATGCTCTCTAAAGGGAAATGTAATATTTAAGATGGTGTGTAACCCGGCTGGATAAATTTTTGGTGCCTAA 28320
GAAAACCTGCTTGAATTTCTTATCAATGACAGTGTAAAGTTTCAAAGAGCTTCAAACGTAAGTATATCATCTCTTTA 28400
TAGAATGTTATGTGGTTAAAACAGAAAACACATCTCACACATTAATCTGATTTTTCATCCCAACAATCTTGGCGCTCAA 28480
AAATAGAATCAATGAGAAAAGAGATATGTGCACTTCGTTGCAATAAAGTCAACTGATGCTCATCGACAACAT 28560
AGGAGGCTTTTCATTAATGGGAAAAGAGCTGTGCCCTTTTAGGATACGTTGGGGAAAAGAAAGTCACTTAATATGTT 28640
TTAATTTGGATTTAAGTGCATATGTTGGTGCCTGTTTGAAGCAGATTTAATTTCCATGATGTTATCTGGCCATCC 28720
CAACCCAACTGTTGAAGTTTGTAGTAACCTCAGTGAGAGTTGTTACTCACAACAATCCTGAAAAGTATTTTTAGTGT 28800
TTGTAGGTTATCTGTGGGTAATATACAAAGCAGAACTGAGGCACCTTAGGACATAACACTTTTGGGGTATATATATCCAAA 28880
TGCCTAAAACATATGGGAGGAAACCTTGGCCACCCAAAAGGAAAACCTAACATGATTTGTGTCTATGAAAGTGTGGATAAT 28960
TAGCATGGGATGAGCTCTGGGCATGCCATGAAGGAAAGCCAGCTCCCTCAGAAATCAGAGGCAGGAGCAATCCAGT 29040
TTCACCTAAGTCTCATAATTTAGTTCCTTTTAAAACCCCTGAAAACCTACATCACCATGGAAATGAAAATATTTGTTA 29120
CAATACATGATCTGTCAAACCTCCAGAACCATGGTAGCCTTCACTGAGATTTCCATCTTGGCTGGTCACTCCCTGACTG 29200
TAGCTGTAGGTTGAATGTGTTTTTGTGTGTGTGCTGGTTTTAGTGTGTCAGAAAGGAAAATAAAGTGTAAAGGAGGACCT 29280
TTAAACCCCTTGGGTGGAGTTTCGTAAATTTCCAGACTATTTTCAAGCAACCTGGTCCACCCAGGATTAGTGACCAGGTT 29360
TTCAGGAAAGGATTTGCTTCTCTAGAAAATGTCTGAAAGGATTTTATTTCTGATGAAAGGCTGTATGAAAATACCTT 29440
CCTCAAATAAATGCTTAACTACATATAGATTCAGTGTGTCATATTTTGTATATTAATGCTATATATAATGGGG 29520
ACAAATCTATATATATCTGTATGGCATTATTAAGAAGCTTTTTTCAATATTTTTTATCAGATAATTTAAAATGTGTA 29600
AAAAATAAACAGTACTCCTGTTTAAAATAAAGTTGAGTTTTTATTCATGCTGAATAAATCTGTAGTTAAAA 29680
AAAAAGTGTCTTTTTACTACGCAGTGAATGTGAGACTGTAAAACCTGTGTGGAAATGTTAACTTTTATTTTTTTCAT 29760
TTAAATTTGCTGTTCTGGTATTACCAAAACACACATTTGTACCAGAAATGGCAGTAAATGTTAGCCATTTACAGCAATGCC 29840
AAATATGGAGAAACATCATAATAAAAAATCTGCTTTTTTCAATATGTGACTCCAACATGCTTTTGTAGAATTTGTACAGT 29920
TCCGATTTGTCCAATCTGATTTTTGTTTACTGAAAGTAGAGTTACCCTGCTTCCAGAACCTTAAGATAAATGTTGGGCA 30000
TTTAAATGTCAAGTGTGGCAATGTTGCGCTGCTAATATGGCATAGATTCAAATAAGCTTAACCTGGTCCAAAGACCTG 30080

9,



Séquence 2

GGCGCCGCTCCACCCGCTCCCGCTCGGTCCCGCTCGCTCGCCAGGCCGGGCTGCCCTTTCGCGTGTCCGCGCTCTCT 80
TCCCTCCGCGCCGCTCCCTCCATTTTGCAGCTCGTGTCTGTGACGGGAGCCCGAGTACCCGCTGCCGCTCGGGGACG 160
GATTCTGTGGGTGGAAGGAGACGCCGACCGCGAGCGGCCGAGCAGCTGGGACCGGGACGGGACGCGCGCCCGGAAC 240
CTCGACCCGCGGAGCCCGCGCGGGGCGGGGCTGGCTTGTGACGTGGCAATGGGAGACTTTCTTAAATAGGGGCTCT 320
CCCCCACCATGGAGAAAGGGGCGGCTTTACTTCTTTTTTAGAAAAAATAATATTTCCCTCCTGCTCCTTCT 400
CGGTTACAAGCTAAGTTGTTTATCTCGGCTGCGCGGGAAGTCCGACGCTGGCGGGCAGCGGCTCCTCTGCCAGAT 480
TGATATTCAGTGTGGACTCCAAGAATCATTAACCTCTGGTAGAGAAGAAACCCAGCAGTGTGCTTGTCTCAGGAGAG 560
M D S K E S L T P G R E E N P S S V L A Q E R 23
GGGAGATGTGATGGACTTCTATAAAACCCTAAGAGGAGGAGCTACTGTGAAGTTTCTGCGTCTTACCCTCAGTGGCTG 640
G D V M D F Y K T L R G G A T V K V S A S S P S L A 49
TCGCTTCTCAATCAGACTCCAAGCAGCGAAGACTTTTGGTTGATTTTCCAAAAGGCTCAGTAAGCAATGCGCAGCAGCCA 720
V A S Q S D S K Q R R L L V D F P K G S V S N A Q Q P 76
GATCTGTCCAAAGCAGTTTCACTCTCAATGGGACTGTATATGGGAGAGACAGAAACAAAAGTGTGGGAAATGACCTGGG 800
D L S K A V S L S M G L Y M G E T E T K V M G N D L G 103
ATTCCACAGCGGGCCAAATCAGCCTTTCCTCGGGGAAACAGACTTAAAGCTTTTGGAAAGAACATTGCAAACTCA 880
F P Q Q G Q I S L S S G E T D L K L L E E S I A N L 129
ATAGTTCGACCACTGTTCCAGAGAACCCCAAGAGTTCAGACTCCACTGTGTCTGCTGCCCCACAGAGAGGAGTTT 960
N R S T S P E N P R K S S A S T A V S A A P T E K E F 156
CCAAAACTCAGTCTGATGTATCTTCAAGACAGCAACATTTGAAGGGCCAGACTGGCACCACCGTGGCAATGTGAAAT 1040
P K T H S D V S S E Q Q H L K G Q T G T N G G N V K L 183
GTATACCACAGACCAAGCACCTTTGACATTTGACAGGATTTGGAGTTTCTTCTGGGTCGCCAGGTAAGAGACGAATG 1120
Y T T D Q D S T K I L Q D L E F S S G S P G K E T N 209
AGAGTCTTGGAGATCAGACCTGTTGATAGATGAAACTGTTGCTTCTCCTGCGGGGAGAAGACGATTCATTCCTT 1200
E S P W R S D L L I D E N C L L S P L A G E D D S F L 236
TTGGAAGGAACTCGAATGAGGACTGCAAGCCTCTCATTTTACCGGACACTAAACCCAAAATTAAGGATAATGGAGATCT 1280
L E G N S N E D C K P L I L P D T K P K I K D N G D L 263
GGTTTTGTCAAGCCCAAGTAACTGCAACTGCCCCAAGTGAAGAACAGAAAAAGAAATTTTATCGAATCTGCACCCCTG 1360
V L S S P S N V T L P Q V K T E K E D F I E L C T P 289
GGTAATTAAGCAAGAAACTGGGCACAGTTTACTGTCAAGCAAGCTTTCCTGGAGCAAATATAATTTGTAATAAAATG 1440
G V I K Q E K L G T V Y C Q A S F P G A N I I G N K M 316
TCTGCCATTTCTGTTTATGTTGAGTACCTCTGGAGGACAGATGTACCACTATGACATGAATACAGCATCCCTTTCTCA 1520
S A I S V H G V S T S G G Q M Y H Y D M N T A S L S Q 343
ACAGCAGGATCAGAAGCCTATTTTTAATGTCAATCCACCAATTCCTGTTGGTCCGAAAATTGGAATAGGTGCCAAGGAT 1600
Q Q D Q K P I F N V I P P I P V G S E N W N R C Q G 369
CTGGAGATGACAACCTGACTTCTCTGGGACTCTGAACCTCCCTGGTTCGAAACAGTTTCTTAAATGGCTATTCAAGCCCC 1680
S G D D N L T S L G T L N F P G R T V F S N G Y S S P 396
AGCATGAGACCAGATGTAAGCTCTCTCCATCCAGCTCCTCAACAGCAACAAGGACCCTCCCAAACCTCTGCCTGGT 1760
S M R P D V S S P P S S S S T A T T G P P P K L C L V 423
GTGCTCTGATGAAGCTTCAAGATGTCAATATGGAGTCTTAACTTGTGAAAGCTGAAAGTTTCTTCAAAGAGCAGTGG 1840
C S D E A S G C H Y G V L T C G S C K V F F K R A V 449
AAGCAGCACAATTACCTATGTGCTGGAAGGAATGATTCATCATCGATAAAATTCGAAGAAAAACTGCCAGCATGC 1920
E G Q H N Y L C A G R N D C I I D K I R R K N C P A C 476
CGTATCGAAAATGTCTTCAAGGCTGGAATGAACCTGGAAGCTCGAAAAACAAGAAAAAATAAAAGGAATTCAGCAGGC 2000
R Y R K C L Q A G M N L E A R K T K K K I K G I Q Q A 503
CACTACAGGAGTCTCACAAGAACCTCGAAAACCTGGTAACAAAACATAGTTCCTGCAACGTTACCAACACTCACC 2080
T T G V S Q E T S E N P G N K T I V P A T L P Q L T 529
CTACCCGTTGCTACTGTTGGAGGTTATTGAACCTGAAGTGTATATGACAGGATATGATAGCTCTGTTCCAGACTCAACT 2160
P T L V S L L E V I E P E V L Y A G Y D S S V P D S T 556
TGGAGGATCATGACTACGCTCAACATGTTAGGAGGGCGCAAGTGTGAGCAGTGAATGGGCAAAGGCAATACCAGG 2240
W R I M T T L N M L G G R Q V I A A V K W A K A I P G 583
TTTCAGGAACCTACACCTGGATGACCAAAATGACCTACTGCAGTACTCCTGGATGTTTCTTATGGCATTGCTCTGGGGT 2320
F R N L H L D D Q M T L L Q Y S W M F L M A F A L G 609
GGAGATCATATAGACAATCAAGTGCAAACTGCTGTGTTTGTCTCCTGATCTGATTATTAATGAGCAGAGAATGACTCTA 2400
W R S Y R Q S S A N L L C F A P D L I I N E Q R M T L 636
CCCTGCATGTACGACCAATGTAACACATGCTGTATGTTTCTCTGAGTTACACAGGCTTCAAGTATCTTATGAAGATA 2480
P C M Y D Q C K H M L Y V S S E L H R L Q V S Y P E E Y 663
TCTCTGTATGAAAACCTTACTGCTTCTCTCTCAGTTCCTAAGGACGGTCTGAAGAGCCAAGAGCTATTTGATGAAATTA 2560
L C M K T L L L L S S V P K D G L K S Q E L F D E I 689
GAATGACCTACATCAAGAGCTAGGAAAAGCCATTGTCAAGAGGGAAGAACTCCAGCCAGAAGTGGCAGCGGTTTTAT 2640
R M T Y I K E L G K A I V K R E G N S S Q N W Q R F Y 716
CAACTGACAAAACCTTTGATTTCTATGATGAAGTGGTTGAAAATCTCCTTAACTATTGCTTCCAAACATTTTTGGATAA 2720
Q L T K L L D S M H E V E N L L N Y C F Q T F L D K 743
GACCATGAGTATTGAATTCCCCGAGATGTTAGCTGAAATCATCACCATCAGATACCAAAATATTCAAATGGAATATCA 2800
T M S I E F P E M L A E I I T N Q I P K Y S N G N I 769
AAAACTTCTGTTTCAATCAAAAGTACTGCCTTAATAAGAATGGTTGCCTTAAAGAAAGTCAATTAATAGCTTTTATTG 2880
K K L L F H Q K * 777
TATAAATATCAGTTTGTCTGTAGAGTTTGTGTTTATTTTTATTGTTTTCATCTGTTGTTTGTGTTTAAATACG 2960
CACTACATGTGGTTTATAGAGGGCAAGACTTGGCAACAGAAGCAGTTGAGTCGTCACTTTTTCAGTGTGGGAGAGT 3040

AGATGGTGAATTTATTAGTTAATATATCCAGAAATTGAAACCTTAATATGTGGACGTAATCTCCACAGTCAAAGAAG 3120
 GATGGCACCTAAACCACAGTGCACCAAGTCTGTGTGATGAACCTTCTCTCATACTTTTTTTCACAGTTGGCTGGATGA 3200
 AATTTTCTAGACTTTCTGTTGGTGTATCCCCCCCTGTATAGTTAGGATAGCATTTTTGATTATGCATGGAAACCTGAA 3280
 AAAAAGTTTACAAGTGTATATCAGAAAAGGGAAGTTGTGCCTTTTATAGCTATTACTGTCTGGTTTTAACAAATTTCCCTT 3360
 ATATTTAGTGAACCTACGCTTGCCTATTTTTTCTTACATAATTTTTTATTCAGTTATTGTACAGCTGTTTAAAGATGGGCA 3440
 GCTAGTTTCGTAGCTTTCCCAAATAAACTCTAAACATTAATCAATCATCTGTGTGAAAATGGGTTGGTGGCTTCTAACCTGA 3520
 TGGCACTTAGCTATCAGAAGACCACAAAATGACTCAAACTCTCCAGTATTCTTGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTCA 3600
 TATTTGTATATATCGCTTCAGTGGAGAAATATATAGTTGTGCAAAATTAACAGTCCTAACCTGGTATAGAGCACCTAGT 3680
 CCAGTGACCTGCTGGTAAACTGTGGATGATGGTTGCAAAAGACTAATTTAAAAATAACTACCAAGAGGCCCTGTCTGT 3760
 ACCTAACGCCCTATTTTTGCAATGGCTATATGGCAAGAAAGCTGGTAAACTATTTGCTTTTCAGGACCTTTTGAAGTAGT 3840
 TTGTATAACTTCTTAAAGTTGTGATTCAGATAAACAGCTGTAAACAGCTGAGAGACTTTTAAATCAGACAAAGTAAT 3920
 CCTCTCACTAACTTTACCCAAAACTAAATCTCTAATATGGCAAAATGGCTAGACACCCATTTTCACATTTCCCATCTG 4000
 TCACCAATTTGGTTAATCTTTCCCTGATGGTACAGAAAGCTCAGCTACTGATTTTTGTGATTTTGAAGCTGTATGTGAGCA 4080
 TCCATGTTTGTAAAACCTACACATCCCTAATGTGTGCCATAGAGTTTAAACACAAGTCTGTGAATTTCTTCACTGTTGAAA 4160
 ATATTTTAAACAAAATAGAAAGCTGTAGTAGCCCTTCTGTGTGCACCTTACCAACTTTCTGTAAACTCAAACTTAAACA 4240
 TTA AAAATATGGAACCTCTAATATATTTTTATATTTAGTTATAGTTTTCAGATATATATCATATTTGGTATTTCACTAATCTG 4400
 GGAAGGGAGGGCTACTGCAGCTTACATGCAATTTATTA AAAATGATTGTA AAAATAGCTTGTATAGTGTAAAATAGAAT 4480
 GATTTTTAGATGAGATTGTTTTATCATGACATGTTATATATTTTTTTAGGGGTCAAAGAAATGCTGATGGATAACCTAT 4560
 ATGATTTTAGTTTGTACATGCATTATACAGGCAGCGATGGTCTCAGAAACCAACAGTTTGTCTTAGGGGAGAGGGA 4640
 GATGGAGACTGGTCTGTGTGACGTGAAGTTGCTGAGGCTCTGACCAGTGAGATTACAGAGGAAGTTATCTCTGCCT 4720
 CCCATTTGACACCCCTTCTCATTTCCACAGTGAGTCTGTGCAGCGCAGGTTTAGTTTACTCAATCTCCCTTGCCTAAA 4800
 GTATGTAAGTATGTA AACAGGAGACAGGAAGTGGTGGTCTTACATCTTAAAGGCACCATCTAATAGCGGGTACTTTCA 4880
 CATAAGCCCTCCCCAGCAGTTGAATGACAACAGAAGCTTCAAGATTTGGCAATAGTTTGCATAGAGGTACCAGCAAT 4960
 ATGTA AATAGTGCAGAACTCATAGGTTGCCAATAATACACTAATCTCTTCTATCTTACAACAAGAGTTTATTTCCAAA 5040
 TAAAATGAGGACATGTTTTGTTTTCTTTGAATGCTTTTTGAATGTTATTTGTTATTTTCAGTATTTTGGAGAAATATT 5120
 TAATAAAAAACAATCATTGCTTTTTGAATGCTCTCTAAAAGGGAATGTAATATTTAAGATGGTGTGTAACCCCGCTG 5200
 GATAAATTTTTGTGCTTAAGAAAAGTCTGTTGAATATCTTATCAATGACAGTGTAAAGTTTCAAAAAGAGCTTCTAAA 5280
 CGTAGATTATCTCTTTATAGAATGTTATGTGGTTAAAACAGAAAGCACATCTCACATTAATCTGATTTTCATCC 5360
 CAACAATCTTGGGCTCAAAAATAGAACTCAATGAGAAAAGAGATTTATGTGCACTTCTGTTGTCAATAATAAGTCAAC 5440
 TGATGCTCATCGACAACATAGGAGGCTTTTCATTAATGGGAAAAGAGCTGTGCCCTTTTAGGATACGTGGGGGAAA 5520
 GAAAGTCATCTTAATATGTTAATTTGTGGATTAAGTGCATATAGTGGTGGTGTGTTGAAAGCAGATTTATTTCCATG 5600
 FATGTGTTATCTGGCCATCCCAACCAAACTGTTGAAGTTTGTAGTAACTTCACTGAGAGTTGGTTACTCACAACAATC 5680
 CTGAAAAGTATTTTAGTGTGTTGATGTTTCTGTGGGATACTATACAAGCAGAAGTGGGCACTTAGGACATAACACTT 5760
 TTGGGGTATATATCCAAATGCCTA AAAACTATGGGAGGAAACCTTGGCCACCCCAAAAGGAAAACCTAACATGATTTGTG 5840
 TCTATGAAGTGTGGATAATTAGCATGGGATGAGCTCTGGGCATGCCATGAAGGAAAGCCAGCTCCCTTCAGAATTCAG 5920
 AGGCAGGGAGCAATCCAGTTTTACCTAAGTCTCATAATTTAGTCCCTTTTAAAACCTGAAAACCTACATCACCATG 6000
 GAATGAAAATATTTGTTATACAATACATTTGATCTGTCAAACCTCCAGAACCATGGTAGCCTTCACTGAGATTTCCATCTT 6080
 GGCTGGTCACTCCCTGACTGTAGCTGTAGGTGAATGTGTTTTGTGTGTGTGTGTTGTTTGTGTCAGAAGGGAAAT 6160
 AAAAGTGAAGGAGGACACTTTAAACCCCTTGGGTGGAGTTTCGTAATTTCCAGACTATTTTCAAGCAACCTGGTCCAC 6240
 CCAGGATTAGTGACCAGGTTTTTCCAGAAAGGATTTGCTTCTCTAGAAAATGTCTGAAAGATTTTATTTCTGATGAA 6320
 AGGCTGTATGAAAATACCCTCCTCAAATAACTTGTCTTAACTACATATAGATTCAAGTGTGTAATTTCTATTTTGTATA 6400
 TTAATGCTATATAATGGGACAACTATATTTACTGTGTATGGCATTATTAAGAAGCTTTTTCATATTTTTTATCA 6480
 CAGTAATTTTAAAATGTGTA AAAATTA AAAACCAAGTGACTCTGTTTAAAATAAAAAGTTGTAGTTTTTTATTCATGCTGA 6560
 ATAATAATCTGTAGTTAAA AAAAGTGTCTTTTTACCTACGCAGTGAATGTCAGACTGTAAAACCTTGTGTGGAATG 6640
 TTTAACTTTTATTTTTTTCATTTAAATTTGCTGTTCTGGTATTACCAAACACACATTTGTACCGAATTTGGCAGTAAATGT 6720
 TAGCCATTTACAGCAATGCCAAATATGGAGAAACATCATAATAAAAAAATCTGCTTTTTTCATTA 6784

Séquence 3

GAATGACCTACATCAAAGAGCTAGGAAAAGCCATTGTCAAGAGGGAAGGAACTCCAGCCAGAAGTGGCAGCGGTTTTAT 2640
 R M T Y I K E L G K A I V K R E G N S S Q N W Q R F Y 716
 CAACTGACAAAACCTTGGATTCTATGCATGAAAATGTTATGTGGTTAAAACAGAAAGCACATCTCACATTAATCTG 2720
 Q L T K L L D S M H E N V M W L K P E S T S H T L I * 742
 ATTTTCATCC (-----)
 TAGCCATTTACAGCAATGCCAAATATGGAGAAACATCATAATAAAAAAATCTGCTTTTTTCATTA 4154

Question 29 : CE

- A. **FAUX** : Une protéine n'est pas constituée de paires de bases mais d'AA, l'item aurait été juste si l'énoncé avait été « l'ADNc de la protéine ».
- B. **FAUX** : Voir item C.
- C. **VRAI** : Il y a 8 exons partiellement codants et 1 exon entièrement non codant, le premier (attention à ne pas l'oublier).
- D. **FAUX** : Voir item C.
- E. **VRAI** : Pour trouver la longueur du transcrit primaire, on cherche le début du premier exon (qui correspond au début de l'ADNc) dans l'ADNg et la fin du dernier exon (fin de l'ADNc) dans l'ADNg. Ce qui fait environ 29860-201= 29679, proche de 29684 à moins de 10 nucléotides près.

Question 30 : CE

- A. **FAUX** : Une protéine n'est pas constituée de paires de bases mais d'AA, l'item aurait été juste si l'énoncé avait été « l'ADNc de la protéine ».
- B. **FAUX** : Voir item C.
- C. **VRAI** : La portion d'ADNc de GRBeta qui nous a été donnée débute par la fin de l'exon 8 (Voir portion surlignée sur la page 2 de la séquence en rose clair). L'exon 9 n'apparaît pas dans l'ADNc de cette isoforme donc n'appartient pas à la protéine GRBeta. Le dernier exon, présent dans l'ADNc, débute dans l'ADNg au niveau du nucléotide 28404 (Voir portion surlignée en rose clair page 3 de la séquence). Le C-term du gène est le même que pour la GRalpha. Au final, on a un nouvel exon (le 9') et un exon (le 9) qui n'apparaît pas : GRbeta a donc 9 exons.
- D. **FAUX** : Voir item C.
- E. **VRAI** : Il a le même N-term et le même C-term du gène que l'isoforme alpha, ils ont donc le même transcrit primaire d'environ 29684 nucléotides. La différence se trouvera dans l'épissage alternatif.

Question 31 : BE

- A. **FAUX** : La portion qui lie l'ADN se trouve dans l'exon 3, un doigt de zinc, et est donc identique pour les deux isoformes.
- B. **VRAI** : On le voit dans l'énoncé « seule la partie C-term est différente ».
- C. **FAUX** : C'est dit dans l'énoncé. Également on le voit car le dernier exon n'est pas le même pour les isoformes alpha et beta, leur C-term de protéine est donc différent.
- D. **FAUX** : L'isoforme alpha lie les glucocorticoïdes alors que l'isoforme bêta non, elles n'ont donc pas le même domaine de liaison au ligand (les glucocorticoïdes sont ici le ligand de GRalpha).
- E. **VRAI** : Puisqu'ils lient l'ADN, ils ont une activité transcriptionnelle. C'est le but lorsqu'on lie l'ADN.

Question 32 : B

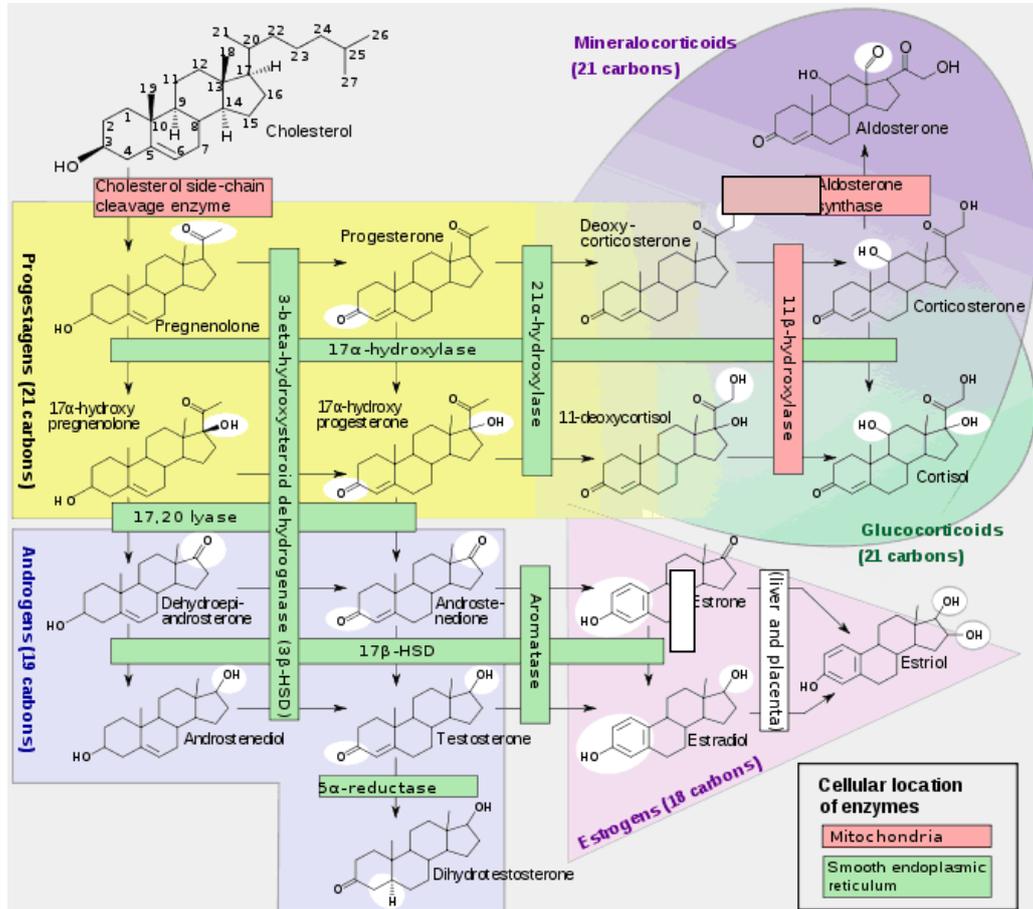
- A. **FAUX** : En général, la liaison à l'ADN se fait dans le grand sillon.
- B. **VRAI** : Les acides aminés entre les deux dernières cystéines et les quelques-uns après dans le premier doigt de zinc lient l'ADN, ici, au niveau de GRE. Dans la séquence, on peut trouver les acides aminés G, S et V dans le premier doigt de zinc entre et juste après les deux dernières cystéines, c'est donc vrai.
- C. **FAUX** : Les acides aminés qui permettent la liaison à l'ADN se trouvent entre les deux dernières cystéines donc dans l'hélice alpha du doigt de zinc.
- D. **FAUX** : Ils sont dans l'exon 3 (ne pas oublier qu'il y a un exon non codant !!).
- E. **FAUX** : Ils ne sont pas entre les deux dernières cystéines du premier doigt de zinc, ils ne se lient donc pas à l'ADN.

Question 33 : BC

- A. **FAUX** : Un doigt de zinc est une structure super secondaire, et deux doigts de zinc forment une structure tertiaire.
- B. **VRAI** : Les acides aminés entre les deux premières cystéines du deuxième doigt de zinc stabilisent la dimérisation. Ici, ces acides aminés sont A-G-R-N-D c'est donc vrai.
- C. **VRAI** : Comme dit ci-dessus (cours).

- D. **FAUX** : Ils sont dans le 4^{ème} exon (ne pas oublier le non codant !!).
- E. **FAUX** : Ces acides aminés entre les deux dernières cystéines du premier doigt de zinc permettent la liaison à l'ADN et non une stabilisation de la dimérisation.

Question 34 : ACD



- A. **VRAI** : Voir le schéma ci-dessus. Sinon, on se retrouvera avec de la corticostérone au maximum.
- B. **FAUX** : Le stéroïde formé est la prégnénolone et possède 21 carbones, ce n'est pas un androgène.
- C. **VRAI** : C'est la dernière (ou avant-dernière étape) sinon on aura au maximum du 11-desoxycortisol.
- D. **VRAI** : Le cortisol possède effectivement une double liaison delta4, ou une double liaison entre les carbones 4 et 5.
- E. **FAUX** : Elle utilise aussi la 3Beta-HSD qui n'est pas un P450.

Pour ce genre de questions, je vous conseille de retenir le schéma +++ si vous êtes très visuel.

Question 35 : CE

- A. **FAUX** : Comme le montre le schéma ci-dessus, le cortisol ne peut pas revenir à l'état d'androgène.
- B. **FAUX** : La 17beta-HSD permet de former de la testostérone.
- C. **VRAI** : Effectivement et cela donnera de la cortisone. Elle va transformer la liaison OH en double liaison O au niveau du carbone 11 du cortisol.
- D. **FAUX** : Elle est utilisée au début de la formation du cortisol.
- E. **VRAI** : La cortisone est effectivement inactive, elle est utilisée pour libérer le récepteur à l'aldostérone.

Question 36 : CD

- A. **FAUX** : L'Acide Aminé à la base est une Asparagine, et celle-ci possède une fonction amide et non acide.
- B. **FAUX** : Non car asparagine est nommé N et non D donc la mutation peut s'écrire N363S.
- C. **VRAI** : La sérine peut effectivement être phosphorylée.
- D. **VRAI** : $pH_N=5,4$ et $pH_S=5,9$ (d'après le tableau donné par le professeur Moyret-Lalle) donc c'est vrai.
- E. **FAUX** : Pour la troisième fois : N'oubliez pas l'exon non codant ! Vraiment, je vous soule depuis le début du problème avec, mais un oubli du genre arrive vite et ça vous fait perdre beaucoup de points pour pas grand-chose... Donc cherchez bien s'il y a un exon non codant au début du problème et ensuite vous le gardez toujours en tête ! ☺

Question 37 : CD

- A. **FAUX**
- B. **FAUX**
- C. **VRAI** : C'est l'amorce anti-sens. Pour la trouver, on va à la fin de la séquence amplifiée (au bout de 320 paires de bases) et on recopie la séquence anti-parallèle et complémentaire de la séquence qui précède ce nucléotide. La séquence prise comme « matrice » est : « TCATTGATTTATATGTGTTCC ». En écrivant directement sa séquence anti-parallèle et complémentaire, vous trouvez l'amorce anti-sens utilisée pour votre PCR.
- D. **VRAI** : C'est l'amorce sens, c'est-à-dire qu'on peut la lire directement sur notre ADN, elle est antiparallèle et complémentaire au brin d'ADN qui ne nous ait pas donné (Celui qui est donc anti-parallèle et complémentaire à l'ADN qu'on étudie). Elle commence au nucléotide 4001 comme précisé dans l'énoncé.
- E. **FAUX**

Question 38 : C

Ici, on utilise la formule $C_1 \times V_1 = C_2 \times V_2$.

Pour amplifier en PCR, on a besoin ici : de 2 oligonucléotides (de part et d'autre de notre séquence à amplifier), du mélange des 4 dNTP, d'une solution tampon, de $MgCl_2$ et de la Taq Polymérase pour synthétiser notre ADN.

Donc on va faire le calcul des volumes qu'on prélève dans chaque solution mère pour avoir la bonne concentration fille dans le volume fille (50 μL).

1) Ici, on doit prendre 2 oligonucléotides donc on multiplie le volume prélevé par 2.

$$V_{\text{final}} = 2 \times V_{\text{prélevé}} = 2 \times C_{\text{fille}} \times V_{\text{fille}} / C_{\text{mère}} = 2 \times 1 \times 50 / 20 = 5 \mu L$$

$$2) V_{\text{prélevé}} = 100 \times 50 / 5 \cdot 10^3 = 1 \mu\text{L}$$

$$4) V_{\text{prélevé}} = 1 \times 50 / 10 = 5 \mu\text{L}$$

$$5) V_{\text{prélevé}} = 1 \times 50 / 10 = 5 \mu\text{L}$$

$$7) V_{\text{prélevé}} = 5 \times 50 / 50 = 5 \mu\text{L}$$

On n'oublie pas la quantité d'ADN génomique à inclure :

$$50 \text{ ng d'ADN génomique à } 10 \mu\text{g/mL} = 10 \text{ ng}/\mu\text{L} \rightarrow V_{\text{prélevé}} = 50 / 10 = 5 \mu\text{L}$$

On additionne tous les volumes prélevés : $5 + 1 + 5 + 5 + 5 + 5 = 26 \mu\text{L}$ prélevé. Pour avoir $50 \mu\text{L}$ dans notre solution finale il faut donc rajouter $24 \mu\text{L}$ d'eau. **C VRAI**

Question 39 : **B**

- A. **FAUX** : On ne retrouve pas la séquence « GAATTC » ou « CTTAAG » au niveau du variant, donc l'enzyme Eco RI ne pourra pas couper notre ADN dans cette zone grâce à cette enzyme.
- B. **VRAI** : Le professeur Morel la considère comme vraie. En PCR, on peut distinguer des bandes différentes de 15bp.
- C. **FAUX** : Coloration possible dans l'électrophorèse mais pour les **protéines**, pour l'ADN, on utilise le bromure d'éthidium, qui est un intercalant de l'ADN.
- D. **FAUX** : On n'utilise pas de l'ARN mais de l'ADN donc on effectue un Southern Blot.
- E. **FAUX** : Ce n'est pas une protéine donc on ne fait pas un Western Blot.

Question 40 : **AE**

Attention, il y a deux sites de restriction dans le fragment qu'on amplifie ! Un au niveau de la mutation et un environ 20 nucléotides avant.

Du coup, pour quelqu'un qui est sain, l'enzyme Tsp509 I coupera le fragment à deux endroits : on aura 3 bandes car 3 morceaux.

Pour quelqu'un d'hétérozygote, on aura un brin coupé en deux au niveau du premier site de restriction car le second est muté et un brin coupé en 3 car normal. Le premier morceau aura la même taille car le premier site marche toujours, mais les autres morceaux auront des tailles différentes, on aura donc 4 bandes. **E VRAI**

Pour quelqu'un d'homozygote, les deux brins n'auront une coupure que sur le premier site de restriction, on aura donc 2 bandes (car les 2 morceaux de chaque brins auront la même longueur et donc même PM). **A VRAI**

Allèle normal



Allèle muté



Question 41 : **CDE**

- A. **FAUX** : On ne peut pas affirmer cela sans preuves tangibles. Ici, rien n'est affirmé donc on ne peut pas être sûr. De plus, il ne semble pas pathogène (voir item D)

- B. **FAUX** : Voir item D
- C. **VRAI** : On a une fréquence supérieure à 1%, c'est donc un polymorphisme.
- D. **VRAI** : Lorsque l'on étudie le variant à une petite échelle, il semble plutôt bénin, on le considère donc comme un variant probablement bénin.
- E. **VRAI** : Ce variant change un site de restriction, c'est donc un RFLP par définition.

Question 42 : **ABD**

- A. **VRAI** : Ce même vecteur est celui qui contient l'ADN cible, la luciférase et le GRE.
- B. **VRAI** : C'est celui qui contient l'ADN cible et la luciférase.
- C. **FAUX** : Il est sur le même vecteur que celui qui contient l'ADN cible et le GRE et pas sur les vecteurs.
- D. **VRAI** : On a dû l'ajouter pour étudier si les mutations laissent la possibilité de fixer le ligand. Sa présence dans les cultures est essentielle.
- E. **FAUX** : Le graphique en bas de la page correspond à la méthode de Scatchard, ici on effectue une expérience qui étudie l'activité.

Question 43 : **CE**

- A. **FAUX** : On a une activité sur le graphique qui est supérieure au contrôle donc le récepteur fixe bien la dexaméthasone.
- B. **FAUX** : L'activité est plus faible pour la mutation hGRalphaG679S, il a donc moins d'affinité pour la dexaméthasone que le récepteur avec la mutation V423A.
- C. **VRAI** : Ici la mutation entraîne une perte de fonction (on fait une étude fonctionnelle) et pas une perte de liaison donc le récepteur muté lie toujours le GRE dans une expérience de retard de migration de gel.
- D. **FAUX** : Il est augmenté puisque la courbe est moins pentue.
- E. **VRAI** : La mutation G>A transforme GGT en AGT, ce qui fait bien passer de Glycine à Sérine.

Question 44 : **CE**

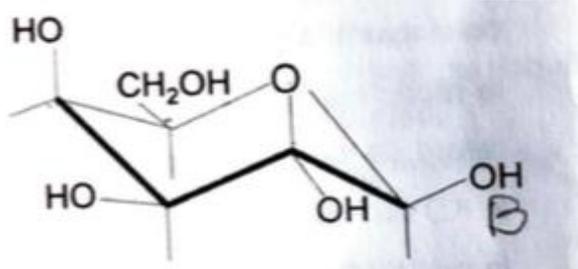
- A. **FAUX** : C'est une représentation de Scatchard.
- B. **FAUX** : Ce résultat correspond au nombre de récepteurs occupés Nr.
- C. **VRAI** : Une pente aigue représente une forte affinité des récepteurs tandis qu'une pente plus faible représente une plus faible affinité, la pente du récepteur au dexaméthasone suite à la mutation est faible, la mutation diminue donc l'affinité de ce récepteur.
- D. **FAUX** : Des doigts de zinc présents dans la structure protéique participent au DBD= liaison à l'ADN, or ici on parle d'affinité à des récepteurs. La mutation diminuant la liaison aux récepteurs et non à l'ADN (on n'a pas de moyen ici de voir s'il y a liaison ou pas), la mutation ne peut pas se localiser dans un doigt de zinc, mais on peut supposer qu'elle est localisée dans un LBD.
- E. **VRAI** : La mutation pR469* est située dans la partie 3' de la protéine qui peut sûrement être le lieu du LBD de la protéine. Cette mutation entraîne un codon stop donc le raccourcissement de la protéine. Sans son LBD, le ligand ne peut être lié. C'est ce qu'on observe dans le graphique avec la 2^{ème} courbe qui montre un bruit de fond.

Question 45 : **ABCE**

- A. **VRAI** : Le pyruvate est bien transformé en acétyl-coA par la pyruvate déshydrogénase lors d'une décarboxylation oxydative. L'acétyl-coA pourra ensuite rentrer dans le cycle de Krebs entre autres pour produire de l'énergie (ATP), le NADH,H+ pourra aussi être utilisé dans la formation d'ATP par la membrane mitochondriale. La formation d'énergie (ATP) est privilégiée lors d'un niveau énergétique bas.
- B. **VRAI** : La réaction de décarboxylation oxydative étant réversible, l'acétyl-coA peut être retransformé en pyruvate par la pyruvate déshydrogénase. Le pyruvate peut alors donner du glucose par la voie de la néoglucogenèse.
- C. **VRAI** : L'acétyl-coA se condense avec de l'oxaloacétate pour donner du citrate. C'est une étape du cycle de Krebs, celui-ci se déroule bien dans la mitochondrie.
- D. **FAUX** : L'acétyl-coA peut bien être formé après bêta-oxydation des AG mais cela se déroule dans la mitochondrie et non dans le cytosol de la cellule.
- E. **VRAI** : Cf cours métabolisme intermédiaire.

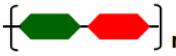
Question 46 : D

- A. **FAUX** : Cette molécule est le D-galactose.
- B. **FAUX** : La représentation à droite est une représentation dans l'espace et non une représentation cyclique.
- C. **FAUX** : C'est un épimère du D-glucose en C4. Le D-galactose et le D-mannose ne sont pas être épimère entre eux.
- D. **VRAI** : C'est bien un anomère bêta car le OH du carbone anomérique est dirigé vers le haut.



- E. **FAUX** : L'hydrolyse du maltose par la maltase donne 2 glucose et non 2 galactoses.

Question 47 : ABCDE

- A. **VRAI** : Le galactose subit une série d'étapes afin d'être transformé en glucose-6P pour pouvoir rentrer dans la glycolyse.
- B. **VRAI** : La mutation de la galactokinase peut provoquer une galactosémie.
- C. **VRAI** : Le galactose doit être converti en glucose-1P puis en glucose-6P avant d'entrer dans la glycolyse.
- D. **VRAI** : L'ajout d'un galactose sur l'antigène de base O par une transférase spécifique permet de créer l'antigène B.
- E. **VRAI** : Le site d'ancrage des GAG ressemble à ça : **Ser - O - Xyl - Gal - Gal** {  }_n

Question 48 : CD

- A. **FAUX** : La néoglucogenèse a effectivement pour rôle de maintenir la glycémie pour les apports énergétiques du cerveau et des muscles mais a lieu essentiellement dans le foie et un peu dans le rein, mais jamais dans les muscles.
- B. **FAUX** : On a dit du coup que le glucose permettant le maintien énergétique en dehors des repas provenait de la néoglucogenèse, celle-ci se déroulant dans le foie. Le transporteur spécifique du glucose dans le foie est donc GLUT2 qui a un $K_m=15-20$ mM pour le glucose.
- C. **VRAI** : Le glycogène hépatique est mobilisé pour maintenir le taux de glucose sanguin et pour alimenter les tissus (contrairement au glycogène musculaire qui est consommé sur place).
- D. **VRAI** : A distance des repas, la concentration en glucose est faible, les hexokinases I, II et III sont plus efficaces pour phosphoryler le glucose que l'hexokinase IV qui a un K_m plus important que celui des autres hexokinase (+ le K_m est grand, + l'affinité est faible)
- E. **FAUX** : Le glucose est phosphorylé en 6 pour donner le glucose-6P, il y a bien consommation d'une molécule d'ATP.

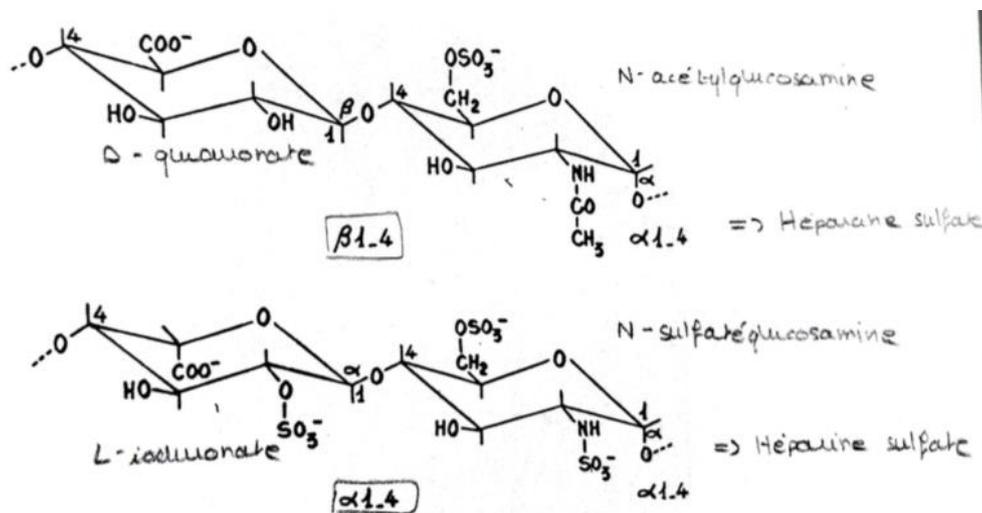
Question 49 : A

- A. **VRAI** : 1 glucose → 2 pyruvate → 2 lactate car on est en anaérobiose.
- B. **FAUX** : bilan de 2 ATP à la fin de la glycolyse. La formation de lactate ne produit pas d'ATP.
- C. **FAUX** : la formation de lactate consomme les 2 NADH précédemment formés
- D. **FAUX** : on produit 2 lactates donc on n'a plus de pyruvate.
- E. **FAUX** : pas de formation d'acétylCoA car nous sommes en anaérobiose.

Question 50 : A

- A. **VRAI** : Le cycle de Krebs ne produit pas directement des molécules d'ATP mais en permet une large production par la chaîne respiratoire car il produit 3 NADH qui permettent cela.
- B. **FAUX** : La phosphorylation oxydative a pour but de produire des molécules d'ATP et non pas de les consommer.
- C. **FAUX** : Rendement pour le catabolisme d'un glucose = +32 ATP en utilisant la navette malate-aspartate.
- D. **FAUX** : L'ATP est libérée dans la matrice mitochondriale, il ne traverse pas la membrane interne à travers l'ATP synthase.
- E. **FAUX** : L'ATP étant synthétisé dans la matrice mitochondriale pas besoin de la transporter.

Question 51 : BC



- A. **FAUX** : Il n'y a pas ni d'héparine-sulfate ni d'héparane-sulfate dans les glycoprotéines.
- B. **VRAI**
- C. **VRAI**
- D. **FAUX** : C'est un N-acétyl**glucosamine** et non N-acétylgalactosamine.
- E. **FAUX** : L'Héparane sulfate (HSPG) est un protéoglycane extracellulaire des lames basales, présent dans la membrane glomérulaire et qui forme une barrière **anionique** qui bloque les protéines sériques.

