

Université Claude Bernard



Lyon 1



# Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2017 - 2018

## Unité d'Enseignement 1

Correction détaillée de l'annale de 2017-2018

**Solene CHENEVAL  
Léna PERRIER  
Clément DUTHEIL  
Constance DESOMBRE  
Sirine BEKKAOUI  
Oriane GUYARD**

Question	Item(s) juste(s)
1	B
2	ACE
3	BE
4	B
5	C
6	BD
7	AD
8	BC
9	BCD
10	AE
11	D
12	ACE
13	ABCD
14	BE
15	CDE
16	ABC
17	AD
18	E
19	AD
20	ACD
21	ABDE
22	ABCE
23	ABCE
24	ACD
25	DE

Question	Item(s) juste(s)
26	BE
27	BCE
28	D
29	BDE
30	C
31	CD
32	CDE
33	B
34	E
35	D
36	AD
37	BE
38	D
39	D
40	ABC
41	AE
42	BE
43	CD
44	BDE
45	C
46	AE
47	BCD
48	B
49	ABE
50	ADE

### Question 1 : B

ATTENTION ! NeAr<sup>+</sup> donc un électron en moins.

- Méthode : 1. En vérifie que le nbre d'orbitale atomiques = nbre d'orbitale moléculaires → **D FAUX**  
2. on regarde entre quels atomes il y a ± 10 eV et donc lesquels peuvent se lier → **A et E FAUSSES**  
3. s'il y a interaction sp l'ordre des liaisons se modifient → **C FAUX (donc on sait déjà que c'est la B)**  
4. Nb d'électron de valence (+ attention à Pauli → 2 e- max par OM et à Hund → utilisation d'un max d'OM) → Ne et Ar 8 e- de val sauf attention au + donc 15 e- à placer → **B VRAI**

### Question 2 : ACE

- A. **VRAI** : Ordre de liaison =  $\frac{\text{nb d'électrons sur liantes} - \text{ceux sur anti-liantes}}{2} = \frac{5-6}{2} = 0,5$   
Rappel : si Ordre de liaison ↗ énergie liaison ↗ et liaison + courte  
B. **FAUX**  
C. **VRAI** : car si on ajoute un électron l'ordre de liaison est égal à zéro.  
D. **FAUX** : Tous les électrons de la molécule ne sont pas appariés elle est donc paramagnétique et pas diamagnétique.  
E. **VRAI**

### Question 3 : BE

ATTENTION ! Bien lire l'énoncé ! Car il est écrit DILATABLE il n'y aura donc aucunes conséquences aux changements de pression.

De plus on voit que l'enthalpie (ΔH) est négative, la réaction est donc exothermique et dégage de la chaleur.

- A. **FAUX**  
B. **VRAI** : Suite à une diminution de la température, la réaction va s'y opposer et va vouloir alors en dégager et donc aller dans le sens exothermique (sens direct)  
C. **VRAI** : La réaction répond dans le sens de sa consommation  
D. **FAUX** : L'ajout de gaz fait varier la pression donc dans une enceinte dilatable cela n'a aucunes conséquences  
E. **VRAI** : Si on augmente la température, la réaction va vouloir l'absorber et va donc se déplacer dans le sens indirect, tandis que si on ajoute du D(g) la réaction va le consommer et donc va aussi se déplacer dans le sens indirect.

### Question 4 : B

Pour trouver l'enthalpie via les énergies de liaison on utilise la loi de Hess **mais inversé**.

ΔHr = EI réactifs – EI produits

$$= [3x \text{EI (C-H)} + \text{EI (C-C)} + \text{EI (C}\equiv\text{N)} + 2x \text{EI (H-H)}] - [5x \text{EI (C-H)} + \text{EI (C-C)} + \text{EI (C-N)} + 2x \text{EI (N-H)}]$$
$$= (600 + 300 + 1100 + 200) - (1000 + 300 + 500 + 300) = 2200 - 2100 = +100 \rightarrow \text{Item B}$$

### Question 5 : C

- A. **FAUX**. Isochore veut dire à volume constant
- B. **FAUX**. La **transformation quasi-statique** est une transformation effectuée suffisamment lentement pour qu'à chaque état de la transformation nous puissions la considérer comme étant à l'équilibre.  
La **transformation réversible** est une transformation où le retour à l'état initial est possible par toutes les étapes.  
La transformation quasi-statique peut donc être considéré comme une réaction réversible mais la réciproque ne s'avère pas vrai dans tous les cas.
- C. **VRAI** : Phrase exacte du cours
- D. **FAUX**. Elle est dite non liante.
- E. **FAUX**. Atomes ou ions ayant le même numéro atomique Z.

On commence par regarder toutes les molécules et on définit leurs caractéristiques.

Molécule 1 : Configuration S

Molécule 2 : Configuration S et le deuxième pas C\* (+ pas les mêmes groupements que les autres)

Molécule 3 : Configuration E

Molécule 4 : Configuration (S,R)

Molécule 5 : Configuration (S,S)

### Question 6 : BD

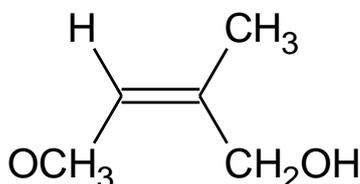
- A. **FAUX** : 1 est plutôt la (S)-4-hydroxy-2-méthylbutan-2-one.
- B. **VRAI** : Quand 1C\* donc chiral à tous les coups.
- C. **FAUX** : Ce serait son énantiomère et non son diastéréoisomère. (pour avoir des possibles diastéréoisomères il faut au moins 2C\*)
- D. **VRAI** : En effet ils ont même formule brute et formule développée différente.
- E. **FAUX** : En équilibre céto-énolique il n'y aura plus de liaison C=O elle devient une liaison C=C pour donner un énol. (voir cours sur la réactivité Aldéhydes et Cétones)

### Question 7 : AD

- A. **VRAI**
- B. **FAUX** : 1C\* donc chiral à tous les coups
- C. **FAUX** : 2 possède 1 seul carbone asymétrique, l'autre porte 2 groupement CH<sub>3</sub>
- D. **VRAI** : Car 2 ne possède ni de O ni de Cl il n'aura donc pas la même formule brute et encore moins la même formule développée
- E. **FAUX** : Voir C.

### Question 8 : BC

- A. FAUX. C'est plutôt la (E)-3-méthoxy-2-méthylprop-2-èn-1-ol.
- B. VRAI : Une double liaison stéréogène n'entraîne pas de pouvoir rotatoire contrairement à 1C\*



- C. VRAI : Ce sera son acolyte Z :
- D. FAUX. Ils ne sont pas du tout reliés par une simple rotation
- E. FAUX. Ni aldéhyde, ni cétone

### Question 9 : BCD

- A. FAUX. (2S,3R) -2-3-dichlorobutane
- B. VRAI : Car c'est un composé méso, c'est-à-dire qu'il possède deux C\* de configuration opposés qui sont porteurs des mêmes groupements, son reflet dans un miroir sera donc lui-même.
- C. VRAI : R et S
- D. VRAI
- E. FAUX. Déjà il ne possède pas d'énantiomère car il est méso et en plus le composé S,S sera son diastéréoisomère.

### Question 10 : AE

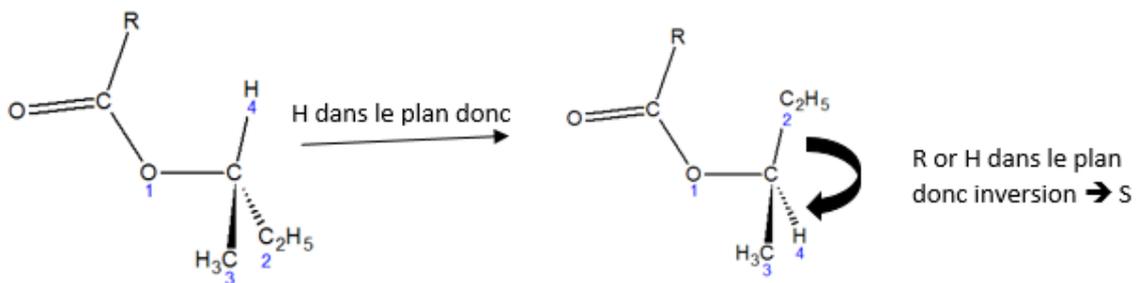
- A. VRAI
- B. FAUX. 2 C\* + pas un composé méso donc molécule chirale.
- C. FAUX. Ils ne sont pas reliés par une rotation, il faudrait casser une liaison donc se sont deux isomères de configuration.
- D. FAUX. Une représentation de Fischer correspond à une configuration éclipsée en Newman
- E. VRAI : 1C\* de configuration différente sur les deux donc bien diastéréoisomères.

## Question 11 : D

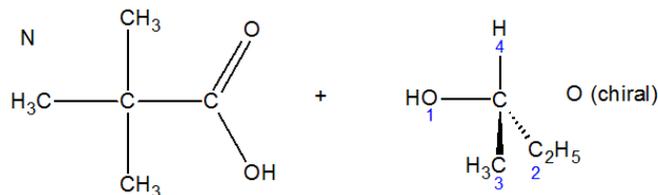
C'est une réaction de saponification et d'hydrolyse acide d'un ester pour conduire à un acide carboxylique et un alcool.

A. **FAUX** : Le carbone asymétrique est de configuration S. Voir ci-dessous.

Priorité 4 à l'arrière <i>(la plus facile → à privilégier !)</i>	Priorité 4 à l'avant <i>(on peut se débrouiller avec)</i>	Priorité 4 dans le plan <i>(plus complexes)</i>
<ul style="list-style-type: none"> <li>➤ Ignorer la priorité 4.</li> <li>➤ Suivre le sens 1→2→3.</li> </ul> <p><b>Sens obtenu = Sens définitif</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>➤ Ignorer la priorité 4.</li> <li>➤ Suivre le sens 1→2→3.</li> </ul> <p><b>Sens obtenu à inverser</b> pour avoir le sens définitif</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>➤ <b>Echanger</b> les numéros des priorités 4 et de celle qui est en arrière.</li> <li>➤ Suivre le <b>nouveau</b> sens 1→2→3.</li> </ul> <p><b>Sens obtenu à inverser</b> pour avoir le sens définitif</p>



B. **FAUX** : Le carbone asymétrique sera au sein de l'alcool, car la partie carbonée lié au O simplement lié sera celle qui donnera l'alcool par la suite, donc O qui est chiral est un alcool.



C. **FAUX** : si O est l'alcool, N sera l'acide carboxylique au sein duquel on ne retrouve pas d'éléments stéréogène.

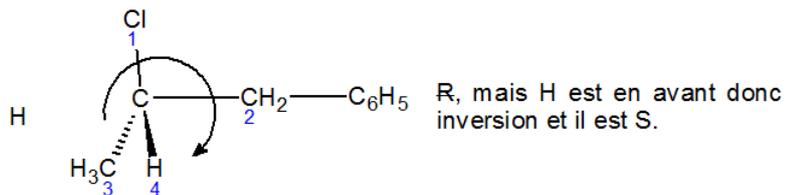
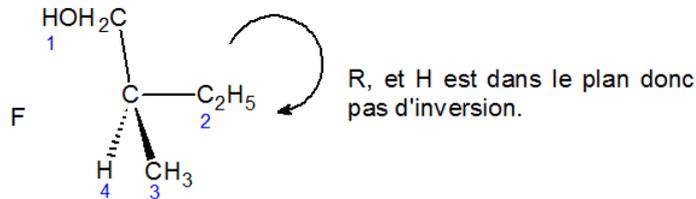
D. **VRAI** : cf. schéma item B et réponse item A, la configuration du Carbone alpha entre l'ester et l'alcool n'est pas modifiée, il ne subit aucune inversion.

E. **FAUX** : La réaction acide/base s'effectue avec HCL lors de la deuxième étape de la réaction. La réaction de M avec NaOH est une addition nucléophile.

## Question 12 : ACE

C'est une réaction de Williamson où les deux étapes sont détaillées. Un alcool va former par substitution nucléophile un éther.

- A. **VRAI** : Cf schéma ci-dessous



- B. **FAUX**: la réaction de F avec NaH fait appel au caractère nucléophile de NaH et non de F.
- C. **VRAI** : Un alcool suite à une réaction acide/base forme un alcoolate.
- D. **FAUX**: le dérivé halogéné est un halogène secondaire, donc c'est une substitution nucléophile 2 (SN2) qui se produit par conséquent, entraînant une inversion de Walden du carbone asymétrique du dérivé halogéné lors de la substitution.
- E. **VRAI** : Le composé F garde la même configuration, en revanche le composé H subit une inversion de Walden lors de la substitution donc le carbone asymétrique S devient R sachant que celui de F est aussi R, le composé I possède deux carbones asymétriques de même configuration absolue, soit R.

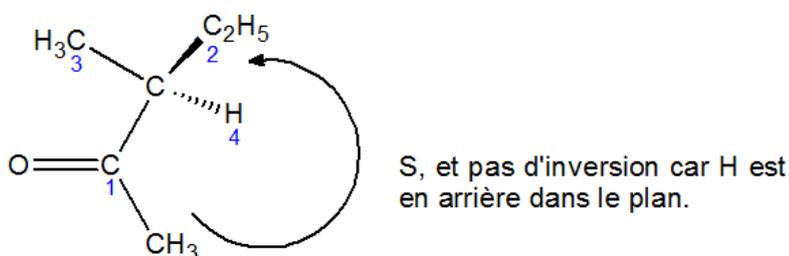
## Question 13 : ABCD

- A. **VRAI** : C'est un alcool secondaire donc il passe par un mécanisme E1.
- B. **VRAI**: Le carbone portant le groupement alcool peut former une double liaison seulement avec le groupe CH3 en arrière du plan, car le carbone au niveau du phényle ne peut pas perdre d'hydrogène pour former cette double liaison car il n'en a pas. Donc la déshydratation de ce côté est impossible. Pour résumer, il n'y a qu'une seule possibilité de déshydratation qui est avec le CH3, dès lors seulement un alcène est formé et la double liaison sera non stéréogène.
- C. **VRAI**
- D. **VRAI** : C'est un alcool primaire donc il passe par un mécanisme E2 et la double liaison sera non stéréogène.
- E. **FAUX** : comme dit dans l'item D un mécanisme E2 ne formera pas une liaison stéréogène donc s'il n'y pas de liaisons stéréogène il ne peut pas se former de diastéréoisomères Z/E.

### Question 14 : BE

C'est une réaction formant des cyanhydrines à partir d'une cétone.

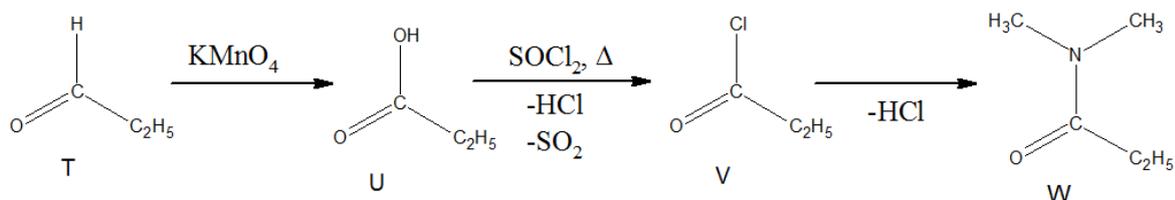
- A. **FAUX** : La réaction de J avec KCN fait appel au caractère électrophile de J et au caractère nucléophile de CN.
- B. **VRAI** : Le composé J possède un carbone asymétrique qui ne subira pas d'inversion il sera identique que ce soit dans K ou L. Cependant lors de la réaction un nouveau carbone asymétrique est formé à 50% R et à 50%S, donc K+L est un mélange de diastéréoisomères de cyanhydrines qui est donc optiquement actif car ce n'est pas un mélange racémique du fait de la présence de deux carbones asymétriques dont un est identique et un autre opposé.
- C. **FAUX** : ce sont des cyanhydrines
- D. **FAUX** : cf. B c'est un mélange de diastéréoisomères.
- E. **VRAI** : Il s'agit du carbone asymétrique du composé J qui ne subira pas de modification durant la réaction et qui sera donc identique dans les composés K et L. Il est de configuration S cf. schéma ci-dessous.



### Question 15 : CDE

C'est un enchainement réactionnel où un aldéhyde est réduit en acide carboxylique par le permanganate de potassium. Puis l'acide carboxylique est traité par du chlorure de thionyle ce qui va former un chlorure d'acide qui va alors réagir par addition élimination avec une amine secondaire pour former le produit final qui est un amide tertiaire.

- A. **FAUX** : comme dit ci-dessus la réduction d'un aldéhyde forme un acide carboxylique.
- B. **FAUX** : l'acide carboxylique qui réagit avec le chlorure de thionyle forme un chlorure d'acide.
- C. **VRAI** : cf. Paragraphe ci-dessus produit final est un amide.
- D. **VRAI** : W ne possède pas de Carbone asymétrique, cf. schéma ci-dessous.

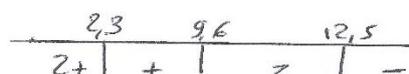
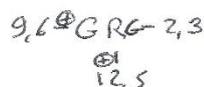
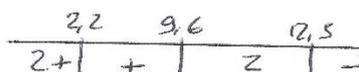
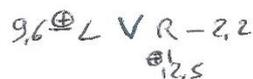
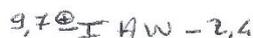
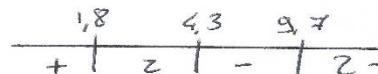
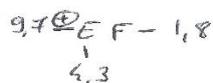
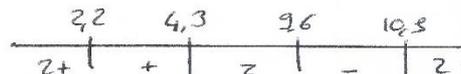
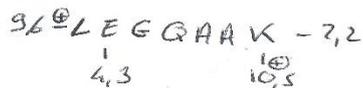
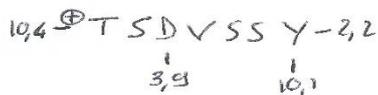
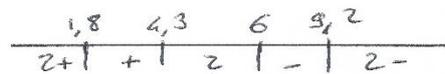
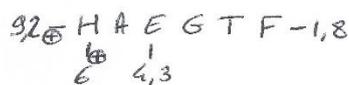


- E. **VRAI**: Voir schéma ci-dessus.

### Question 16 : ABC



- A. **VRAI** : A pH 12,6 tous les peptides sont chargés négativement (cf. schéma ci-dessous) donc ils sont tous retenus sur la résine anionique chargée positivement.
- B. **VRAI** : le peptide est élué à partir de son pHi. Le peptide contenant 6 AA à un  $pHi = \frac{4.3+6}{2} = \frac{10.3}{2} = 5.15$ , pH auxquelles le peptide est élué totalement.
- C. **VRAI** : Le tripeptide contenant le W est chargé négativement à 9.8 (cf. schéma ci-dessous), il est donc retenu sur la résine anionique.
- D. **FAUX** : Nouveauté de cette année une endopeptidase ne peut pas se substituer à une exopeptidase elle ne peut donc pas cliver la première ou la dernière liaison peptidique d'un peptide. Donc il n'y a pas de coupure après la dernière arginine et donc pas d'AA sous forme libre mais 7 fragments. (tripeptide GRG en C-ter à ne pas considérer pour la question 17B)
- E. **FAUX** : Le peptide contenant les deux alanines n'est pas totalement élué car le pH n'a pas dépassé son pHi qui est de 6.95 mais il n'est pas totalement retenu non plus sur la résine anionique car il a dépassé le pK = 9.6 à partir duquel il commence à se trouver sous sa forme zwitterion, dès lors il commence à être élué. Donc il n'est pas totalement retenu à pH 7 sur cette résine.



### Question 17 : AD

- A. **VRAI** : Il s'agit de l'histamine.
- B. **FAUX** : Le peptide LVR oui, en revanche le peptide IAW non car l'alanine n'est pas un AA essentiels.
- C. **FAUX** : Les AA rares sont O et U et ils ne sont pas présent au sein de cette séquence.
- D. **VRAI** : Il s'agit de l'isoleucine (I) et de la thréonine (T).
- E. **FAUX** : Le bromure de cyanogène coupe après M or cet AA n'est pas présent dans cette séquence donc le bromure de cyanogène n'a aucune action sur la liraglutide.

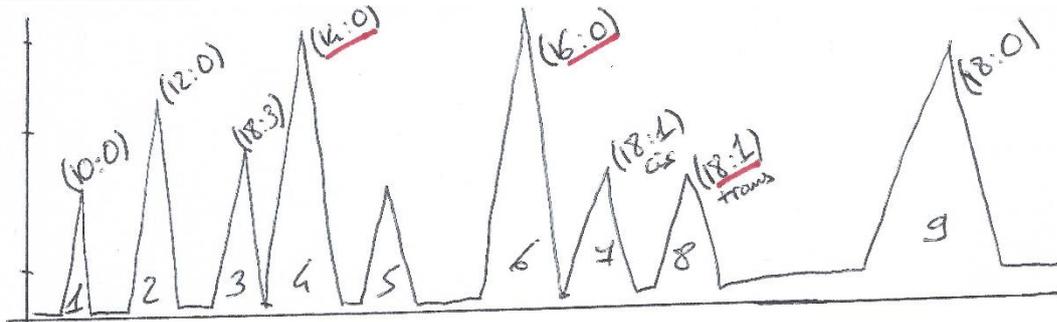
### Question 18 : E

- A. **FAUX** : Le liraglutide est un agonistes et non un antagoniste des récepteurs au GLP1.
- B. **FAUX** : Il s'agit de la D-cystéine diméthylée qui est retrouvée dans toutes les pénicillines
- C. **FAUX** : La glutathion peroxydase oxyde le glutathion en présence d'ions superoxydes. Cependant il forme deux molécules d'eau en présence de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> mais en présence O<sup>2-</sup> une seule molécule d'eau est formée.
- D. **FAUX** : C'est la signal peptidase qui réalise le clivage du peptide signal et non la carboxypeptidase E.
- E. **VRAI** : Lors d'une migration bidimensionnelle la première étape consiste à faire migrer les peptides selon le pHi. Sachant que D est ionisable contrairement à I, lorsque cet AA est remplacé, le pHi du peptide se voit des lors modifier et donc le peptide mutant sera différenciable.

### Question 19 : AD

- A. **VRAI** : Il s'agit de la sphingomyéline et de la phosphocholine qui sont souvent présent dans les membranes plasmiques des cellules.
- B. **FAUX** : La phosphocholine est majoritairement retrouvé dans les domaines fluides. Au niveau des radeaux lipidiques les sphingo-phospho ou glyco-lipides sont en plus grandes quantité à ce niveau comparé à la phosphocholine.
- C. **FAUX** : C'est un AG saturés à 18C, c'est donc l'acide stéarique et non palmitique que libèrera la phospholipase A1 en clivant ce lipide.
- D. **VRAI** :  $Is = m(KOH) = \frac{2M(KOH)}{M(DAG)}$ , Donc celui qui a la plus grande masse molaire aura le plus petit indice de saponification. Le B a une masse molaire plus élevé que le C donc il aura un indice de saponification plus faible que le C.
- E. **FAUX** : LA phospholipase D clive après le phosphate est libèrerais un acide phosphatidique et non un DAG. En revanche se serait le cas pour la phospholipase C.

### Question 20 : ACD



AG donné dans l'énoncé.

- A. **VRAI** : C'est le (12 : 0) et cf. schéma ci-dessus.
- B. **FAUX** : Les Ag essentiels sont l'acide linoléique et l'acide alpha-linolénique respectivement 5 et 3. Le pic 7 correspond à l'acide oléique et n'est pas essentiel.
- C. **VRAI** : Cf B.
- D. **VRAI** : Il s'agit respectivement de l'acide élaidique, l'acide oléique et l'acide linoléique qui ont tous 18 carbone.
- E. **FAUX** : Il s'agit respectivement de l'acide myristique qui a 14 carbone et de l'acide linoléique qui lui en a 18.

### Question 21 : ABDE

- A. **VRAI** : Définition du cours à savoir par cœur.
- B. **VRAI** : Cf graphique du sujet, l'acide élaidique (8) qui est un isomère trans de l'acide oléique (7) a un temps de rétention plus long que ce dernier.
- C. **FAUX** : La température de fusion augmente avec le nombre de carbone et diminue avec le nombre d'insaturation. Le 3 est (18 : 3) et le 9 est (18 : 0) donc la température de fusion du 3 est plus basse que celle du 9.
- D. **VRAI** : Le 3 est (18 : 3) et le 7 est (18 : 1).  $n(II) = X \times n(2AG) = \frac{X}{M(2AG)}$   
Donc  $II = m(II) = n(II) \times M(II) = \frac{X \times M(II)}{M(2AG)}$   
Pour le 3  $II = \frac{3 \times 254}{278} = 2.74$  Pour le 7  $II = \frac{254}{282} = 0.9$   
Donc l'AG 3 a un indice d'iode supérieur à l'AG 7  
Cependant le calcul n'était pas nécessaire pour ce cas, mais je souhaitais vous l'illustrer, car à nombre de carbone égales, l'AG le plus insaturé a l'indice d'iode le plus élevé.
- E. **VRAI** : Le pic 5 correspond à l'acide linoléique qui a pour nom systématique l'acide cis-cis-9,12 octadécadiénoïque.

### Question 22 : ABCE

- A. **VRAI**
- B. **VRAI**
- C. **VRAI**
- D. **FAUX**, elles peuvent être ARN-dépendantes.
- E. **VRAI**, elles sont dues à la télomérase qui est une ADN polymérase ARN-dépendante.

### Question 23 : **ABCE**

- A. **VRAI**
- B. **VRAI**
- C. **VRAI**
- D. **FAUX**, il existe en théorie 32 ARNt pour 61 codons codants.
- E. **VRAI**

### Question 24 : **ACD**

- A. **VRAI**
- B. **FAUX**, uniquement le 1<sup>er</sup> codon AUG codera pour une N-formylméthionine, les autres codons AUG coderont une méthionine.
- C. **VRAI**
- D. **VRAI**
- E. **FAUX**, les liaisons covalentes entre l'ARNt et l'acide aminé correspondant se font au niveau de l'extrémité 3' de l'ARNt via sa séquence CCA.

### Question 25 : **DE**

- A. **FAUX**, chez les eucaryotes ce sont les RNases qui se chargent d'éliminer les amorces.
- B. **FAUX**, ce sont les topoisomérases qui se chargent d'éliminer les supertours dus à l'avancée de la fourche de réplication.
- C. **FAUX**, la primase synthétise des amorces d'ARN.
- D. **VRAI**, à cause de la présence de nucléosomes.
- E. **VRAI**

### Question 26 : **BE**

- A. **FAUX**, la création de sites AP peuvent résulter indirectement d'une désamination spontanée (=oxydative) car le mécanisme de réparation de base BER sera à l'origine d'un site AP qui sera ensuite corrigé.
- B. **VRAI**
- C. **FAUX**, le système MMR intervient uniquement chez les Procaryotes.
- D. **FAUX**, il s'agit de la O<sup>6</sup>-méthylguanine méthyltransférase.
- E. **VRAI**

### Question n°27 : **BCE**

- A. **FAUX** : Le glucagon est un peptide et non un stéroïde.
- B. **VRAI**
- C. **VRAI** : Voir A
- D. **FAUX** : Voir A
- E. **VRAI**

### Question n°28 : D

Attention ! Il fallait trouver le nombre d'introns et d'exons.

Pour cette question, il suffit de compter le nombre d'exons codant et non codant. On peut déjà voir que le début des deux séquences est différent.

Voici les différentes étapes à suivre :

- Dans un premier temps, nous allons chercher à quel nucléotide commence la transcription (nucléotide 200 de la séquence 1).
- Ensuite on superpose les séquences pour voir s'il n'y a pas d'exon non codant en 5' (début de la séquence) et en 3' (fin de la séquence). En l'occurrence on peut voir qu'ici il y en a un en 5' (Nucléotide 200 à 318).
- Nous avons donc 13 exons codant et 1 exon non codant dans la 5'UTR. Ici, il fallait trouver les introns : il y en a 13 -> D vraie

### Question n°29 : BDE

- A. **FAUX** : La traduction commence au nucléotide 5087 (ATG) donc à 2 nucléotides près l'item est faux.
- B. **VRAI** : L'intron n°2 est constitué à peu près d'une suite de CT. C et T sont des bases pyrimidiques.
- C. **FAUX** : L'intron présent en 5' UTR (avant ATG) se termine par un site accepteur faible TAG.
- D. **VRAI** : Ce récepteur possède un peptide signal de 26 AA (dit dans l'énoncé). Il suffit de soustraire ces 26 AA aux 477 qu'on lit dans la séquence 1 afin de trouver le nombre d'AA du récepteur proprement dit.
- E. **VRAI** : La partie 3'UTR se situe après le codon stop (TGA Cf. Cours sur L'ADN), soit après la fin de la traduction de l'ADNc (séquence 1) et se termine au niveau du dernier nucléotide transcrit. Le dernier nucléotide traduit est en position 1728 et le dernier transcrit est position 2053. Nous avons donc 324 nucléotides dans la partie 3' UTR.

### Question n°30 : C

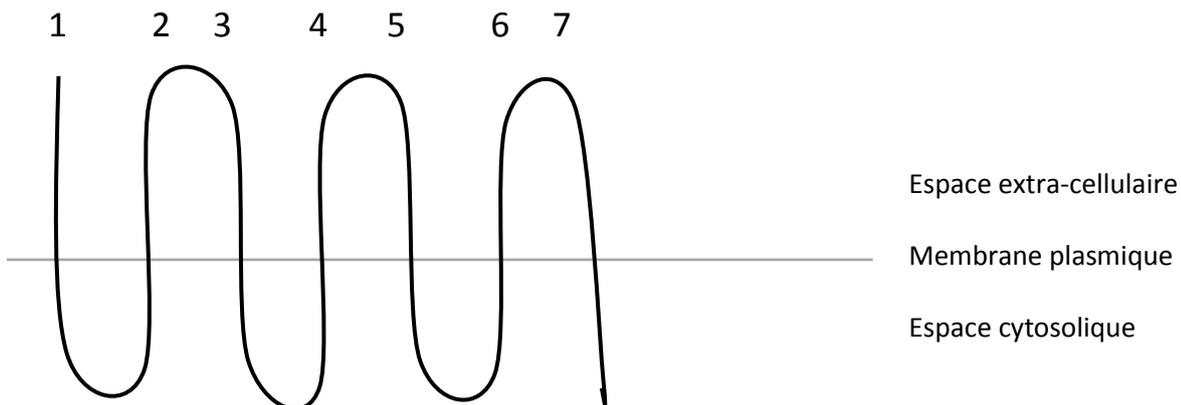
Le transcrit primaire est obtenu après transcription : il possède des introns, exons, une 5' UTR et une 3' UTR. Il suffit de trouver le début et la fin de transcription et de compter le nombre de nucléotides. On trouve donc 9882 nucléotides.

### Question n°31 : CD

- A. **FAUX** : Le glucagon ne rentre déjà pas dans la cellule donc son récepteur ne peut pas être un récepteur nucléaire.
- B. **FAUX** : Il faut repérer toutes les hélices alpha dans la séquence 2. Les hélices 3 et 4 sont codées en partie par le même exon (exon 8).
- C. **VRAI** : La première hélice alpha commence déjà par les AA Y et S qui ne sont pas hydrophobes. Ensuite il suffit de regarder dans les autres hélices. Rappel : les AA hydrophobes sont G, A, V, L, I, M, P, F, W.
- D. **VRAI** : Il y a déjà 7 hélices alpha donc on peut se demander si elles ne correspondent pas aux domaines transmembranaires. De plus, le récepteur du glucagon est bien un récepteur couplé aux protéines G.
- E. **FAUX** : Le récepteur à l'insuline est un récepteur tyrosine-kinase.

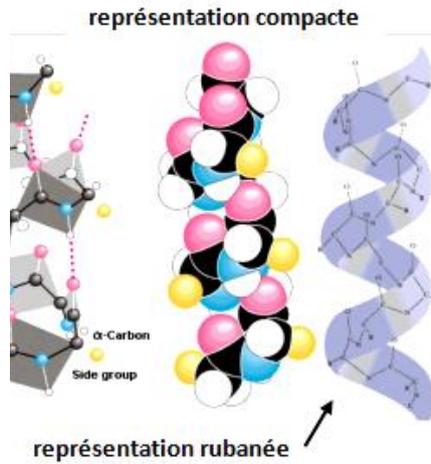
### Question n°32 : CDE

Il faut faire un schéma pour visualiser le récepteur.



### Question n°33 : B

- A. **FAUX** : Le glucagon ne se lit pas sur le domaine ECD mais il se lit sur le domaine extracellulaire donc on peut en déduire que ECD n'est pas extracellulaire.
- B. **VRAI** : Le schéma de ECD a bien une hélice alpha.
- C. **FAUX** : Sur le schéma, on peut voir que tous les feuilletts sont antiparallèles.
- D. **FAUX** : Une structure quaternaire correspond à l'assemblage de plusieurs chaînes protéiques (exemple : hélice d'actine). Or ici, il n'y a qu'un seul récepteur.
- E. **FAUX** : Il s'agit d'une représentation en ruban



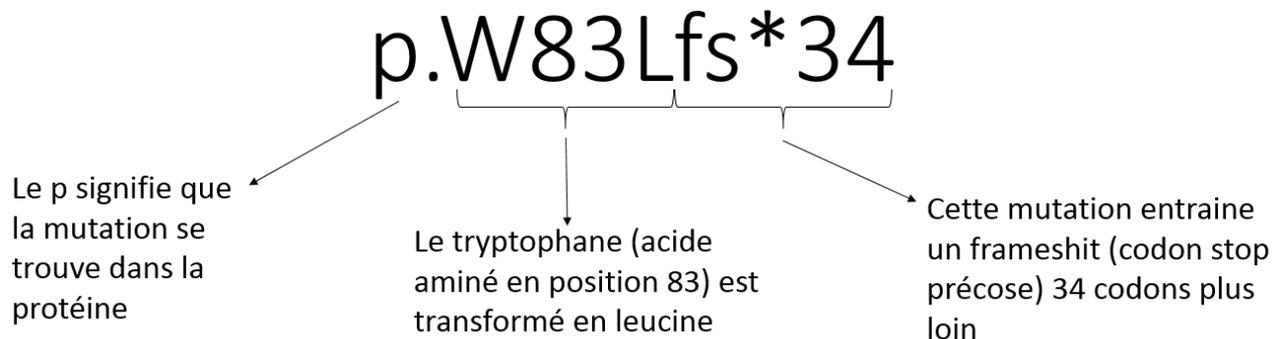
**Question n°34 : E**

- A. **FAUX** : Il est impossible que la protéine ait des doigts de Zinc car vous savez déjà que c'est une protéine transmembranaire (donc ce n'est pas un facteur de transcription). Si c'est un facteur de transcription, il faut rechercher au moins 8 cystéines dans la séquence.
- B. **FAUX** : Le glucagon est un peptide, il est donc trop gros pour interagir dans la cavité membranaire avec les hélices alpha. (voir schémas ci-dessous)
- C. **FAUX** : Voir B
- D. **FAUX** : Le glucagon et son récepteur n'interagissent pas avec une cavité car le glucagon est un peptide donc il est trop gros pour aller dans la cavité.
- E. **VRAI**: ECD appartient à la partie cytosolique du récepteur (voir Question n°33 : A-.)

Groupe	Schéma	Exemples de ligands
Groupe Ia		Photon-rétinal Agents olfactifs Catécholamines Adénosine / ATP Opiacés, enképhaline
Groupe Ib		Peptides Cytokines, Interleukine 8 Thrombine PAF-acéther Formyl K-L-F
Groupe Ic		Hormones glycoprotéiques LH, FSH hCG, TSH
Groupe II		Calcitonine PACAP Sécrétine GHRH, PTH CRH, VIP
Groupe III		Récepteurs métabotropiques du Glu Récepteurs Ca <sup>2+</sup>

### **Question n°35 : D**

Explication de la lecture de la mutation :



Pour cette question, il faut procéder par élimination :

- A. **FAUX** : TGG devient TGT ce qui donne une cystéine et non une leucine.
- B. **FAUX** : TGG devient GGT ce qui donne une glycine et non une leucine.
- C. **FAUX** : La duplication rajoute 2 G Donc le codon TGG est conservé et l'AA qui va le suivre devient GGT.
- D. **VRAI** : TGG devient TTA ce qui va bien donner une leucine à la place du tryptophane. Le TTA est le premier codon formé puis le deuxième codon devient CCT et le 34<sup>ème</sup> TGA qui correspond à un codon stop.
- E. **FAUX** : La duplication rajoute un G donc le codon reste le même.

### **Question n°36 : AD**

Le début de l'amplification est déjà donné (nucléotide 6861) et la taille est aussi donnée (200 bp). Donc vous commencez par chercher une amorce identique à la séquence d'ADN et qui débute au nucléotide 6861. Vous trouvez l'amorce de la réponse A.

Ensuite vous cherchez une amorce complémentaire et antiparallèle environ 200 paires de bases après le début de l'amplification. Elle se trouve des nucléotides 7041 à 7061.

- A. L'amorce présentée correspond à l'amorce sens et va des nucléotides 6861 à 6880.
- D. L'amorce présentée correspond à l'amorce antisens et va des nucléotides 7041 à 7061.

### **Question n°37 : BE**

Le séquençage génétique de Sanger est un moyen de déterminer l'ordre des quatre nucléotides dans un brin d'ADN.

- Pour commencer, il faut une amorce pour que cette méthode fonctionne.
- Vous prenez ensuite 4 tubes avec dans chacun l'ADN polymérase, les désoxynucléotides, l'amorce et un didésoxynucléotide (un différent dans chaque tube).
- Différents échantillons sont obtenus et sont soumis à une électrophorèse en gel (méthode qui permet de séparer les nouveaux brins d'ADN). Les plus petits fragments vont migrer plus rapidement que les grands.
- La séquence lue dans le gel est complémentaire à celle du fragment d'ADN séquencé.

- A. **FAUX** : La PCR purifie déjà un fragment d'ADN donc ce n'est pas la peine de le repurifier.
- B. **VRAI**

- C. **FAUX** : La mutation étudiée est une mutation d'un acide aminé. Donc le gel d'agarose n'est pas assez résolutif (il faut une différence de 200 acides aminés). Le gel de polyacrylamide ou de séquence sont préférentiellement utilisés.
- D. **FAUX**: Il faut plus de désoxyribonucléotides que de didésoxyribonucléotides.
- E. **VRAI**

### **Question n°38 : D**

Il faut procéder par élimination et ne pas oublier de prendre la séquence dans les deux sens. Il faut regarder autour de la mutation car c'est elle qui nous intéresse

- A. **FAUX** : Les 5 premiers nucléotides sont bon mais le patient possède une délétion des 2G suivant donc c'est faux
- B. **FAUX** : Voir A
- C. **FAUX** : La séquence commençant par un N on lit la séquence à l'envers (jusqu'à l'item E) : on repère le GTCCAT ( le G est le nucléotide 6985). L'un des 2 G délétés apparait donc elle devient fausse
- D. **VRAI**
- E. **FAUX** : Les 2 G apparaissent donc l'item est faux.

### **Question n°39 : D**

Comme expliqué dans la question précédente, la séquence se lit à l'envers (en 3'-5') donc avec l'amorce antisens ce qui correspond à l'item D car ce sont les mêmes que la question 36.

### **Question n°40 : ABC**

- A. **VRAI** : Le glucagon est bien une hormone hyperglycémiant tandis que l'insuline est une hormone hypoglycémiant.
- B. **VRAI** : Adrénaline et glucagon active la dégradation du glycogène afin d'obtenir à nouveau du glucose. Or l'adrénaline fait partie des catécholamines.
- C. **VRAI** : Le glucagon agit principalement sur le foie.
- D. **FAUX** : C'est l'inverse : le glucagon ayant une action hyperglycémiant, il ne peut pas **FAUX** : C'est l'insuline qui est sécrété lors des repas. Le glucagon, lui, est sécrété à distance des repas lors des besoins de sucres.

### **Question n°41 : AE**

- A. **VRAI** : Adrénaline et glucagon active la dégradation du glycogène.
- B. **FAUX** : Le glucagon a une action inhibitrice sur la biosynthèse du glycogène.
- C. **FAUX** : Il ne bloque pas directement le cycle de Krebs mais inhibe certaines étapes de la glycolyse.
- D. **FAUX** : Le glucagon empêche le glucose de rentrer dans la glycolyse car il est hyperglycémiant. De ce fait, la phosphorylation oxydative a beaucoup moins de substrat.
- E. **VRAI** : Il inhibe la glycolyse.

### **Question n°42 : BE**

- A. **FAUX** : L'enzyme qui ramifie le glycogène crée des liaisons osidiques alpha 1,6.

- B. **VRAI** : La partie réductrice du glycogène s'attache à la tyrosine de la glycogénine. Il n'a donc plus d'extrémité réductrice.
- C. **FAUX** : Le glycogène est un polysaccharide car il a plus de 14 oses dans sa structure.
- D. **FAUX** : Il peut avoir une origine hépatique ou musculaire.
- E. **VRAI** : C'est en effet une réserve faible d'énergie par rapport aux besoins (les lipides étant la principale réserve d'énergie).

### Question 43 : **CD**

- A. **FAUX** : la cascade de phosphorylation est liée à la PKA et non à la MAP-kinase
- B. **FAUX**
- C. **VRAI**
- D. **VRAI** : la SU C plus précisément
- E. **FAUX** : ce n'est pas la sous-unité régulatrice mais la sous-unité catalytique !

### Question 44 : **BDE**

- A. **FAUX**
- B. **VRAI**
- C. **FAUX** : non car c'est par la phosphorylase kinase.
- D. **VRAI**
- E. **VRAI**

### Question 45 : **C**

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

/!\ En effet phosphorylation  $\neq$  d'activation /!\

### Question 46 : **AE**

- A. **VRAI**
- B. **FAUX** : le glucagon a un récepteur à protéine G
- C. **FAUX** : le facteur de transcription est la CREBP
- D. **FAUX** : le glucagon a un récepteur à protéine G
- E. **VRAI**

### Question 47 : **BCD**

- A. **FAUX** : celle-ci est utilisée lors d'un effort et ne peut pas augmenter la glycémie lors de la néoglucogénèse ! Souvenez-vous, le muscle ne possède pas de glucose 6-phosphatase .
- B. **VRAI**
- C. **VRAI**
- D. **VRAI**
- E. **FAUX** : Le glycogène est la forme la plus rapidement mobilisable, il ne sera normalement plus présent dans un jeûne prolongé.

### Question 48 : B

#### Il s'agit du lactose

- A. **FAUX** : dans les GAG ce sont de acides hexuronique et des hexosamines qui sont répétés.
- B. **VRAI** : du glucose et du galactose
- C. **FAUX** : c'est une liaison Beta 1-4
- D. **FAUX** : il est composé de D-galactose et de D-glucose
- E. **FAUX** : la fonction réductrice est portée par le glucose.

### Question 49 : ABE

- A. **VRAI** : phrase du cours.
- B. **VRAI** : cette étape est réalisée par une Galactokinase et correspond à l'ajout d'un phosphate.
- C. **FAUX** : le fructose est du 6-désoxy-galactose. Il faut donc une réduction.
- D. **FAUX** : Il doit être oxydé en 2 (je ne suis pas du tout sûr)
- E. **VRAI**

#### 2. Site d'ancrage trioside :

A côté de l'unité diholoside répétée, se trouve le site d'ancrage composé de 3 oses reliés par une liaison O-glycosidique au support protéique ici une sérine.



### Question 50 : ADE

- Un composé oxydant est un gagnant d'électrons (oxyder un composé signifie lui faire perdre des électrons, le composé devient oxydant).
  - Un composé réducteur est un donneur d'électrons (réduire un composé signifie lui faire gagner des électrons, le composé devient réducteur).
- A. **VRAI** : il appartient au couple RedOx avec le lactate.
  - B. **FAUX** : il est réducteur. Il appartient à l'équation RedOx avec le succinate.
  - C. **FAUX** : c'est un réducteur, il est donneur d'électrons.
  - D. **VRAI**
  - E. **VRAI**