

Université Claude Bernard



Lyon 1



Tutorat Lyon Est

Unité d'Enseignement 1

Annale Concours PACES 2015-2016

[Correction détaillée](#)

| | |
|----|---------|
| 1 | AD |
| 2 | ABDE |
| 3 | ACD |
| 4 | D |
| 5 | A |
| 6 | AE |
| 7 | CD |
| 8 | ACE |
| 9 | ABD |
| 10 | C |
| 11 | E |
| 12 | ACD |
| 13 | CD |
| 14 | BCE |
| 15 | (A)D |
| 16 | CE |
| 17 | BCD |
| 18 | AD |
| 19 | BD |
| 20 | E |
| 21 | BCDE |
| 22 | C(D)(E) |
| 23 | CE |
| 24 | A(C) |
| 25 | BCDE |

| | |
|----|-------|
| 26 | BD |
| 27 | BD |
| 28 | ABD |
| 29 | AC |
| 30 | C |
| 31 | ABCD |
| 32 | C |
| 33 | ACE |
| 34 | AD |
| 35 | CDE |
| 36 | DE |
| 37 | BDE |
| 38 | B |
| 39 | BDE |
| 40 | ADE |
| 41 | ADE |
| 42 | BCD |
| 43 | AC(D) |
| 44 | CE |
| 45 | AD |
| 46 | CE |
| 47 | A |
| 48 | A(B)C |
| 49 | BDE |
| 50 | ADE |

Question 1 : A

- A. **vrai** : $n=3$ signifie qu'il s'agit de la couche $n^{\circ}3$, la combinaison $l=0$ et $m=0$ correspond à une sous couche s et à une case s, on obtient bien une orbitale 3s.
- B. **faux** : deux électrons ne peuvent pas avoir **le même quadruplet**.
- C. **Faux** : l'énergie d'ionisation n'augmente pas de manière régulière dans la période car on s'observe des effets de demi-couche et couche pleines qui ont tendance à augmenter l'énergie nécessaire à l'ionisation.
- D. **Vrai** : les métaux de transitions ont une électronégativité inférieure à 2
- E. **Faux /vrai** :

Mr Terreux considère que la répulsion inter-électronique ne peut pas être calculé mais mesuré

Mme CHEMELLE : considère que la répulsion inter-électronique ne peut être ni mesurée ni calculée

Question 2 : ABDE

Méthode :

Pour déterminer si 2 cycles/fonctions sont dans un même plan, il faut déterminer s'il y a une **hyper-conjugaison** (possibilité de délocalisation d'une liaison double rendant rigide une liaison simple)

- A. **vrai** : A et B sont dans le même plan.
- B. **vrai** : la fonction amide est bien dans le même plan que B .
- C. **faux** : il n'y a pas d'alternance de liaison simple-double ou de délocalisation suffisante pour rigidifier les 2 liaisons simples.
- D. **vrai** : présente bien un alternance de liaisons simples/liaisons doubles
- E. **faux** : l'hybridation de l'atome d'azote est sp^2 . les **hétéroatomes terminaux portent l'hybridation du carbone auquel ils sont liés**.

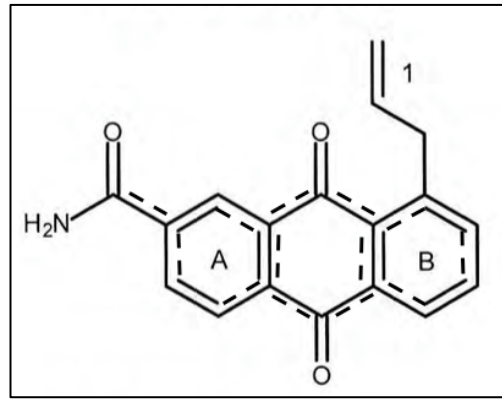
Comment déterminer une orbitale ?

1. Déterminer la configuration électronique de l'atome : $1s^2 2s^2 2p^3$ ou savoir que l'azote est trivalent et possède un doublet non liant.

2. on compte le nombre de recouvrements : ici 3 +1 doublet non liant

Il s'agit donc d'une hybridation sp^3

Petite astuce : avant de commencer à répondre, il faut essayer de déterminer toutes les zones possibles de délocalisation des doubles liaisons



Question 3 : ACD

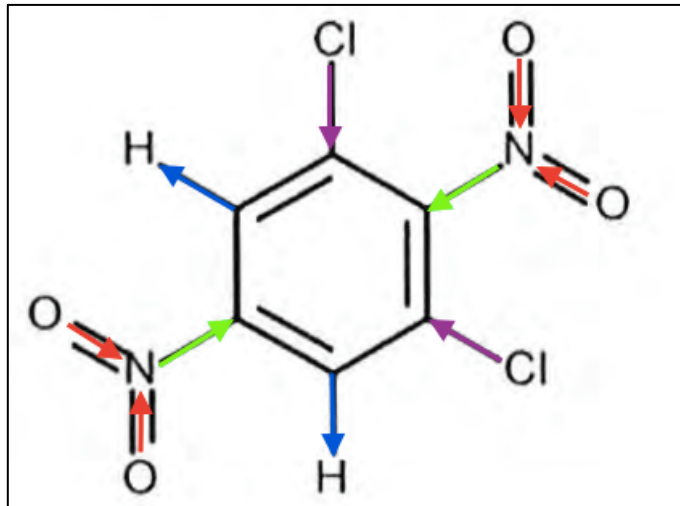
- A. **vrai** : si la pression augmente alors la réaction se déplace dans le sens d'une diminution du nombre de mole de gaz. Or il y a 3 moles à gauche et 2 moles à droite (**on prend en compte uniquement le gaz**) la réaction va se déplacer de la gauche vers la droite, c'est-à-dire **dans le sens direct**.
- B. **faux** : la réaction est endothermique car le $\Delta H_r > 0$ c'est à dire qu'il faut apporter de la chaleur à la réaction pour qu'elle se fasse.
Si la température diminue, alors la réaction se fera en sens inverse, de la droite vers la gauche, soit un **sens indirect**
- C. **vrai** : Si on ajoute un gaz déjà présent dans la réaction, il vient s'ajouter aux moles déjà existantes. On a donc plus de mole de $A_{(g)}$ que de $E_{(g)}$, la réaction va donc ce faire dans le **sens direct**
- D. **vrai** : Si on ajoute un gaz qui n'est pas déjà présent dans l'équation, cela équivaut a augmenter la pression dans l'enceinte. La réaction se fera donc dans le sens **direct**
- E. **faux** : Si on augmente la température, la réaction va se faire dans le sens **direct** car le réaction est endothermique.
Alors que si on ajoute du $E_{(g)}$, la réaction se fera dans le **sens indirect** car on va compenser la différence de mole entre $A_{(g)}$ et $E_{(g)}$.
on obtient donc deux sens opposés.

NB : avant de commencer l'exercice toujours vérifier que l'enceinte est **INDILATABLE** : si elle ne l'est pas, le fait d'augmenter la pression, ou de rajouter du gaz non présent dans la réaction n'aura aucun effet sur la réaction et le sens dans lequel elle peut se faire.

Question 4 : D

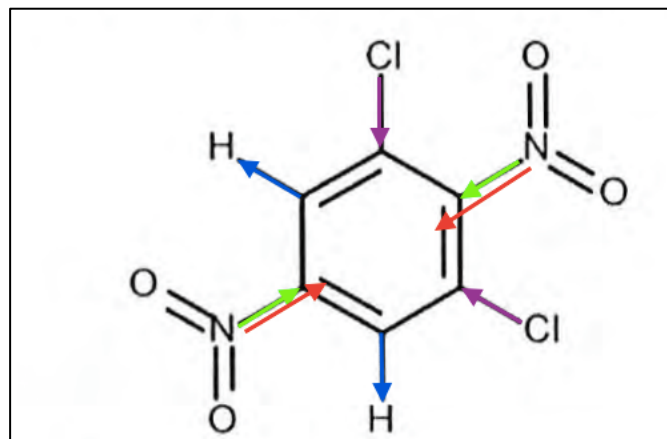
Pour calculer le moment dipolaire d'une molécule on étudie la somme des vecteurs dipolaires.

1. On regarde l'électronégativité des atomes : $N > O$, $N > C$, $Cl > C$ et ainsi de suite
2. On trace les vecteurs de telle manière qu'ils aillent **du plus électronégatif au moins électronégatif**

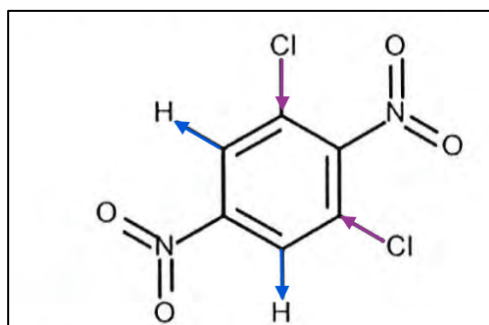


Les flèches rouges correspondent au moment dipolaire NO
 Les flèches vertes correspondent au moment dipolaire NC
 Les flèches violettes correspondent au moment dipolaire Cl-C
 Les flèches bleues correspondent au moment dipolaire C-H

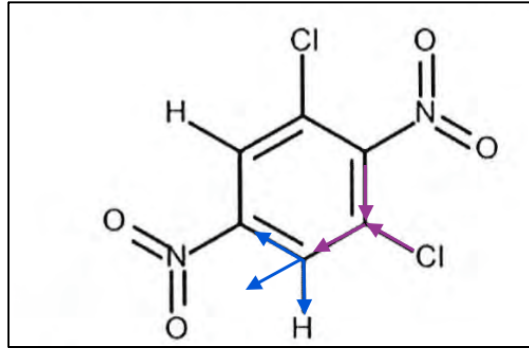
3. On somme ensuite les vecteurs de même valeur de manière à les orienter dans l'espace



4. Les vecteurs de même valeur mais de sens opposés s'annulent
les vecteurs verts, et rouges s'annulent



5. Etudier les derniers vecteurs soit en les sommant soit en les soustrayant fonction de leur sens
*Pour mieux se représenter la sommation des vecteurs, on peut les déplacer comme sur l'image.
 Cela permet de mieux comprendre si on doit les sommer ou les soustraire*

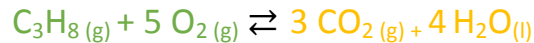


Ici : la plupart des vecteurs s'annulent ne restant que les vecteurs Cl-C et C-H
 on obtenait au final une valeur de $2 + 0,4 = 2,4D$

Question 5 : A

Pour calculer l'enthalpie :

on cherche à obtenir les réactifs du bon côté et les produits du bon côté

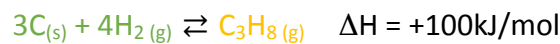


- **étape 1** : placer les réactifs et les produits au bon endroit

équation (1) : le C_3H_8 n'est pas du bon côté pour obtenir la réaction du propane

on va donc faire la réaction en sens contraire, c'est à dire avec le C_3H_8 à gauche et le $3\text{C}(\text{s}) + 4\text{H}_2(\text{g})$ de l'autre côté

le fait d'avoir échangé les deux termes de côté modifie l'enthalpie de la réaction : elle devient -100 kJ/mol



Au final on obtient



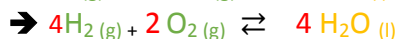
- **étape 2** : affecter le bon coefficient stoechiométrique

Dans ce cas la on cherche à obtenir 1 seul C_3H_8 donc on laisse un 1 devant
 le 1 vaut pour l'ensemble de l'équation : on va avoir



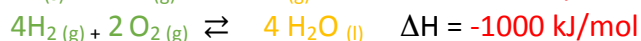
l'enthalpie ne change pas elle vaut -100kJ/mol



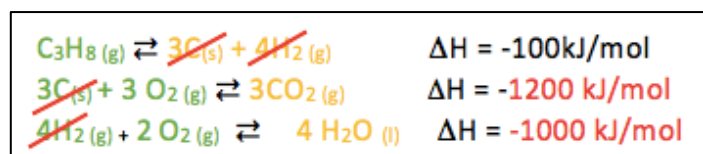


Attention : si le coefficient vaut autre chose que 1, tous les coefficients déjà existant seront multipliés ainsi que l'enthalpie.

- **Etape 3** : on raye les molécules présentes à la fois en tant que substrats et produits



- **Etape 4** : on vérifie que l'on a bien le coefficient devant chaque produit/substrats et qu'ils sont au bon endroit



- **Etape 5** : calcule l'enthalpie de la réaction en additionnant les enthalpies

$$-100 - 1200 - 1000 = -2300 \text{ kJ/mol}$$

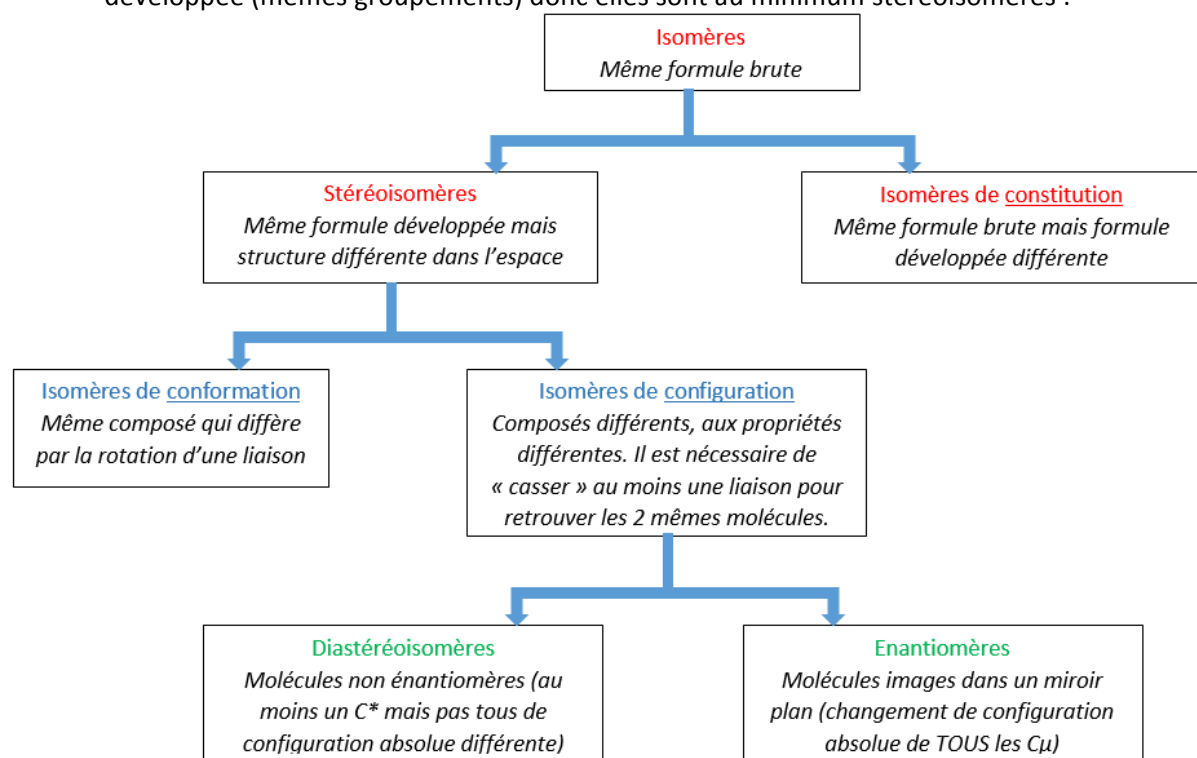
Question 6 : AE

- Vrai.** Il suffit de compter rapidement chaque type d'atome sur chaque molécule en n'oubliant pas les carbones centraux qui ne sont pas représentés sur les représentations de Newman (molécule 2) et de Fisher (molécule 4).
- Faux.** Comme vu précédemment, ces molécules ont toutes la même formule brute. Elles sont donc au minimum isomères entre elles.
- Faux.** Sans même perdre du temps à vérifier la configuration absolue (qui est d'ailleurs bonne), on peut voir que c'est faux car la molécule 1 ne possède qu'un groupe hydroxyle, et non pas deux comme indiqué dans l'item avec le « dihydroxy ». Rappel : ne pas confondre CHO (fonction aldéhyde $\text{CH}=\text{O}$) avec C-OH (fonction hydroxyle)
- Faux.** Les isomères de conformation sont un même composé qui se différencient par la rotation d'une ou plusieurs liaisons. Ici, on voit bien que Les molécules 1 et 2 ne possèdent pas les mêmes groupes : la molécule 2 ne possède par exemple pas de groupement carboxyle COOH. Ce sont donc des isomères de constitution car ils ont une même formule brute mais pas la même formule développée.
- Vrai.** La molécule 1 possède bien ses deux groupements dans le plan en haut (comparé à l'axe carbone-carbone horizontal), et ses groupements en avant et en arrière au-dessous de

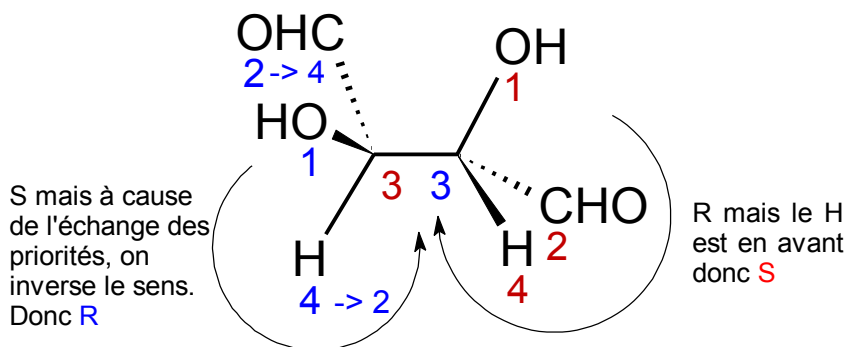
cet axe. La molécule 4 est une représentation de de Fisher. Or cette représentation est TOUJOURS éclipée.

Question 7 : CD

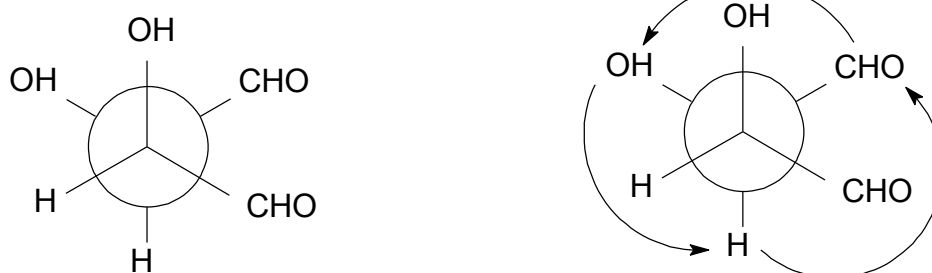
- A. **Faux.** On regarde d'abord si les molécules ont toutes un élément stéréogène. C'est le cas car elles ont toutes au moins 1 carbone asymétrique (=portant 4 groupements différents). La molécule 1 en possède 1 seul, elle est donc forcément chirale. Pour les 3 autres, il faut vérifier que ce ne soient pas des composés « méso » qui eux sont achiraux. On regarde donc les configurations absolues. Les molécules 2 et 3 sont (SR) et (RS) et la 4 est (RR). Les molécules 2 et 3 sont donc des « méso » car ce sont des molécules à deux centres chiraux possédant les mêmes entités mais de configuration absolues opposées. Les composés méso sont par définition achiraux, donc l'item est faux.
- B. **Faux.** Comme vu à la question 1) item B, les molécules 1 et 2 sont bien des isomères de constitution car elles ont la même formule brute mais pas la même formule développée (groupements différents). Mais les molécules 2, 3 et 4 ont toutes la même formule développée (mêmes groupements) donc elles sont au minimum stéréoisomères :



- C. **Vrai.** Détail de la démarche : on note les priorités pour chaque groupement lié à un carbone asymétrique selon leur numéro atomique. $O > C > H$
Pour trouver la configuration absolue du carbone de gauche : la priorité 4 est dans le plan, donc on échange sa priorité avec le groupement qui est à l'arrière (ici CHO). H obtient donc la priorité n°2. En suivant notre nouvel ordre 1, 2 et 3, on tourne dans le sens inverse des aiguilles d'une montre, donc c'est S. Mais suite à cette manip', il ne faut pas oublier d'inverser la configuration absolue obtenue ! Le carbone de gauche est alors R.
Pour trouver celle de droite : la priorité 4 est à l'avant, donc dans un premier temps, on l'ignore. On obtient la configuration absolue R en suivant 1,2 et 3 dans le sens des aiguilles d'une montre. Mais de nouveau, on va devoir inverser la configuration absolue obtenue car notre priorité 4 était à l'avant. Donc le carbone de droite est S.



- D. **Vrai.** On représente la molécule 3 selon Newman (plus facile à exploiter pour constater une rotation). On regarde selon l'axe carbone S → carbone R (comme la molécule 2) On obtient cela :



On remarque sur la molécule 2 que chaque paire de groupement est dans un même plan (OH est dans le même plan que l'autre OH, CHO est dans le même plan que le deuxième CHO...) On doit donc faire pivoter la liaison C-C de 120° vers la droite pour faire tourner le plan arrière (cf 2^{ème} image) et ainsi retrouver la molécule 2 à partir de la 3. Ce sont donc bien des isomères de conformation.

- E. **Faux.** Elles sont en conformation décalée. Voici comment reconnaître ces différentes représentations :

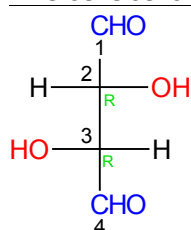
| | Conformation éclipsée | Conformation décalée |
|--------------|-----------------------|----------------------|
| Selon Cram | en « U » | |
| Selon Newman | | |

Question 8 : ACE

- A. **Vrai.** Comme on l'a vu dans la question 7) A, la molécule 2 est un composé méso, elle est donc achirale. Or les molécules achirales ne dévient pas la lumière polarisée et n'ont pas de pouvoir rotatoire. L'item est donc vrai.
- B. **Faux.** Les molécules R et S ont la même formule brute et développée. De plus, la molécule 3 est de configuration absolue (RS) et la molécule 4 (RR). Ils ont donc un seul C* dont la

configuration est différente : ils ne sont donc pas images l'un de l'autre dans un miroir plan. Ce sont des diastéréoisomères. Or un mélange racémique est composé à 50/50 de 2 énantiomères.

- C. **Vrai.** Pour trouver les configurations absolues, on donne les priorités aux groupements (OH>CHO>C-OH>H) et on n'oublie pas d'inverser le sens obtenu. En effet, dans la représentation de Fisher, les groupements horizontaux se trouvent en avant, donc les H qui sont tous les deux de priorité 4 passent en avant. Or quand la priorité 4 est en avant, on inverse le sens obtenu grâce aux priorités 1→2→3.



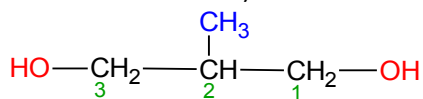
Nomenclature :
(2R,3R)-2,3-dihydroxybutanedial

- D. **Faux.** ATTENTION ! Les molécules 2 et 3 sont des composés méso et les composés méso n'ont pas d'énantiomères ! En effet, quand on regarde leur image dans un miroir plan, on remarque que l'on obtient la même molécule (car ils sont achiraux). Les molécules 2 et 3 sont en fait des conformations différentes d'un même composé.
- E. **Vrai.** Les molécules 3 et 4 ont la même formule brute et développée. De plus, la molécule 3 a une configuration absolue (RS) et la molécule 4 (RR). Ce ne sont donc pas des énantiomères, car tous leurs carbones n'ont pas une configuration opposée (ils ne sont pas images l'un de l'autre dans un miroir plan). Ils sont donc diastéréoisomères.

Question 9 : ABD

- A. **Vrai.** Il faut tout simplement compter les différents atomes sur chaque molécule. Sans perdre de temps à chercher plus loin, on remarque rapidement que la molécule 1 n'est composée entre autres que de 4 carbones tandis que les molécules 2 et 3 en ont chacun 5.
- B. **Vrai.** Si la molécule 1 n'a pas au minimum la même formule brute que les deux autres, elle n'a donc aucune relation d'isomérisie avec elles.
- C. **Faux.** ATTENTION à ce piège très très courant (et vraiment bête quand on s'en rend compte) La molécule 1 ne possède pas de carbone asymétrique et n'est donc pas chirale ! En effet, le carbone placé dans le plan de devant ne possède pas 4 groupements différents. Il est lié à :
-un H
-un CH₃
-DEUX CH₂OH (eh oui ! pensez bien à regarder le carbone placé dans le plan de derrière : il est lui-même lié à 2 hydrogènes et un OH. Le tout forme donc bien un groupement CH₂OH à l'arrière...)
La représentation de Newman a été choisie exprès pour ne pas faire « directement » apparaître ce groupement. (Le fait que le même item soit posé 2 fois en l'espace de 3 QCM doit cependant vous faire douter : le professeur pose rarement la même question 2 fois, à moins d'attendre une réflexion différente...)

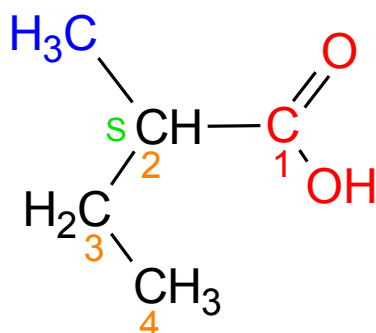
- D. **Vrai.** Voici la molécule 1 en représentation semi-développée (plus pratique pour les molécules achirales). Sa nomenclature est bien : 2-méthylpropane-1,3-diol



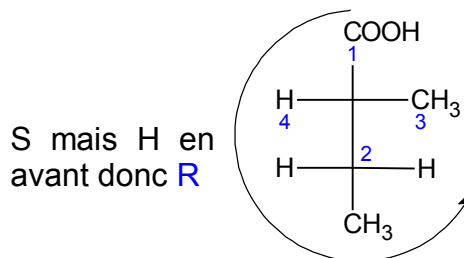
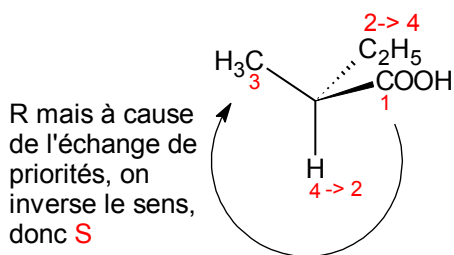
- E. **Faux.** Même piège que pour l'item C : d'où l'intérêt d'être très attentif sur ces questions qui paraissent « faciles » car la sélection est grande : ici, déjà 4 points de perdus. Or c'est grâce à ce genre de questions que quelqu'un qui n'est pas très à l'aise avec les réactions de chimie orga peut gagner des points ! De plus, le professeur en « rajoute une couche » pour vous faire réfléchir si vous n'avez pas tiqué à l'item 3, alors soyez un petit peu curieux : les profs ne font rien au hasard !

Question 10 : C

- A. **Faux.** Comme vu à la question 9) item A, les molécules 1 et 3 n'ont pas la même formule brute. Donc il est impossible qu'elles aient une quelconque relation d'isomérisie.
- B. **Faux.** Rappelez-vous bien des différentes règles de nomenclature et leur ordre de priorité. Ici, celle à appliquer était la suivante : on doit toujours choisir la chaîne carbonée la plus longue possible comme chaîne principale. Avec la molécule 2, la plus longue chaîne carbonée comporte 4 carbones. Dans l'item, on propose une chaîne à 3 carbones (racine « propane »). C'est donc faux. La bonne nomenclature est : acide (S)-2-méthylbutanoïque



- C. **Vrai.** Ces deux molécules ont la même formule développée. De plus, le seul carbone asymétrique de la molécule 2 est de configuration absolue S et celui de la molécule 3 est de configuration absolue R :
- Pour la molécule 2, la priorité 4 est dans le plan, donc on doit d'abord échanger sa priorité avec le groupement à l'arrière (COOH), regarder le sens du nouvel ordre 1 → 2 → 3 (R), et finalement inverser le sens obtenu. On obtient donc S.
- Pour la molécule 3, le sens 1 → 2 → 3 nous donne la configuration S, mais comme le groupement à la priorité 4 (le H) est à l'avant (car il est horizontal sur la représentation de Fisher), il faut là aussi inverser le sens obtenu. La molécule est donc R.



Ils sont donc images l'un de l'autre dans un miroir plan et sont des énantiomères. Un mélange racémique est composé à 50% d'une molécule et de 50% de son énantiomère. L'item est donc vrai.

D. **Faux.** Voir correction item C)

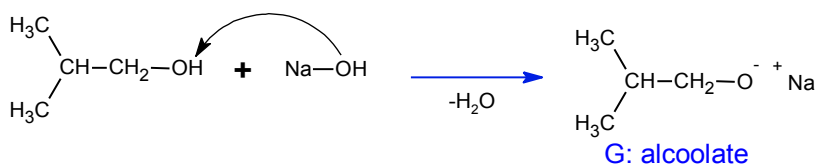
E. **Faux.** Voir correction item C)

Question 11 : E

A. **Faux.** C'est un alcool primaire car le carbone lié au groupement OH n'est lié qu'à un autre groupement différent de H :

| Alcool primaire | Alcool secondaire | Alcool tertiaire |
|--|---|---|
| $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{R}-\text{C}-\text{OH} \\ \\ \text{H} \end{array}$ | $\begin{array}{c} \text{R}' \\ \\ \text{R}-\text{C}-\text{OH} \\ \\ \text{H} \end{array}$ | $\begin{array}{c} \text{R}' \\ \\ \text{R}-\text{C}-\text{OH} \\ \\ \text{R}'' \end{array}$ |

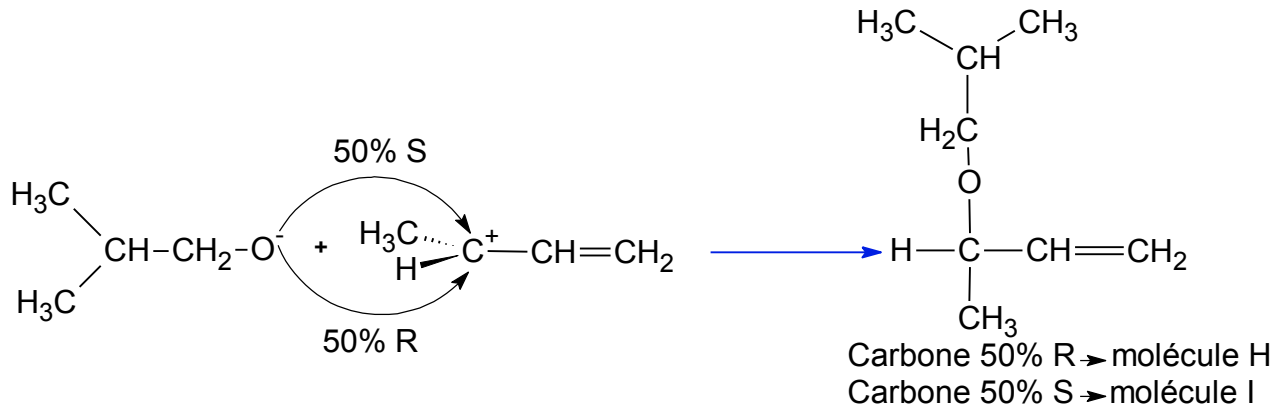
B. **Faux.** Pour qu'une déshydratation ait lieu, il faut toujours qu'il y ait un chauffage (en tous cas dans le cadre du programme de PACES) représenté par Δ . Ici, on a un alcool et une base. La base va capter le proton lié à l'oxygène très électronégatif de l'alcool et on va obtenir un alcoolate :



C. **Faux.** Le composé G ne possède pas de double liaison, qu'elle soit stéréogène ou non (voir réponse item B).

D. **Faux.** On a donc maintenant un alcoolate qui réagit avec un dérivé halogéné. C'est donc la deuxième étape de la formation d'un éther. Le dérivé halogéné est secondaire (car le C qui porte l'halogène est lié à deux groupements carbonés). Mais attention, ce carbone est stabilisé par mésomérie. En effet, la double liaison et ses électrons peuvent se déplacer entre les 2 autres carbones d'à côté, ce qui stabilise le carbocation formé lors de la réaction. Le mécanisme est donc SN1. Donc la réaction n'est pas sélective et on obtient 2 composés de configurations différentes.

Le Cl^- va se lier au Na^+ puis :

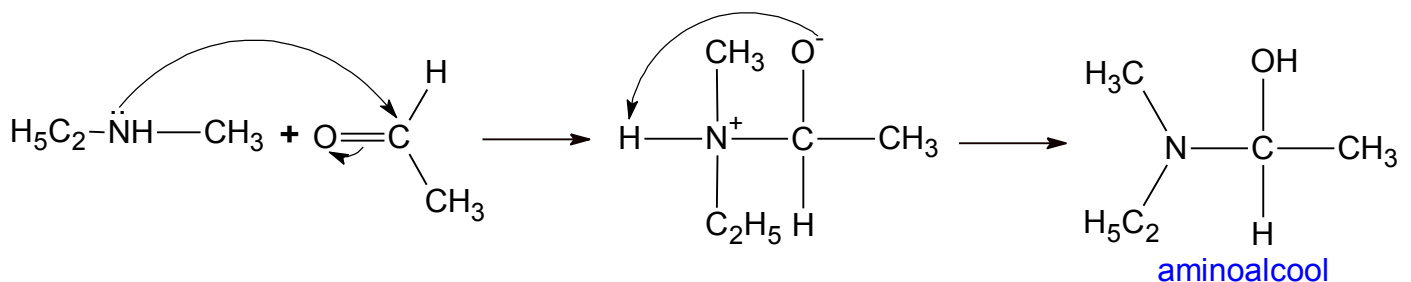


On vérifie bien qu'il n'y ait qu'un seul carbone asymétrique dans la molécule finale !! (Car s'il y en a plus, leur configuration peut ne pas avoir changé, et on aurait alors des diastéréoisomères). Ici, H et I n'ont qu'un seul carbone asymétrique de configurations opposées, ce sont donc des énantiomères.

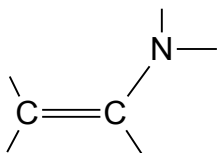
E. **Vrai.** Voir correction item précédent.

Question 12 : ACD

- A. **Vrai.** Au contact d'un aldéhyde ou d'une cétone, la nucléophilie de l'atome d'azote de l'amine se traduit par une addition nucléophile sur le carbone électrophile de l'aldéhyde ou de la cétone.
- B. **Faux.** On sait que l'atome d'azote est nucléophile (car il porte un doublet non liant d'électrons qui est attiré par les nucléons). Donc la molécule J est nucléophile. Logiquement, elle va réagir avec une molécule électrophile. Plus précisément elle va se lier ici avec le carbone de l'aldéhyde, qui est électrophile car lié à un atome d'oxygène très électronégatif qui garde vers lui les électrons de la double liaison. La réaction de J avec K fait donc appel au caractère électrophile de K et au caractère nucléophile de J.
- C. **Vrai.** Pendant le premier temps de la réaction, c'est un intermédiaire juste avant la déshydratation entre 2 carbones :



D. **Vrai.** Rappel : formule générale des énamines : elles contiennent bien une liaison $\text{C}=\text{C}$



- E. **Faux.** amine primaire + aldéhyde ou cétone → imine
 Or ici on a : amine secondaire + aldéhyde ou cétone → énamine

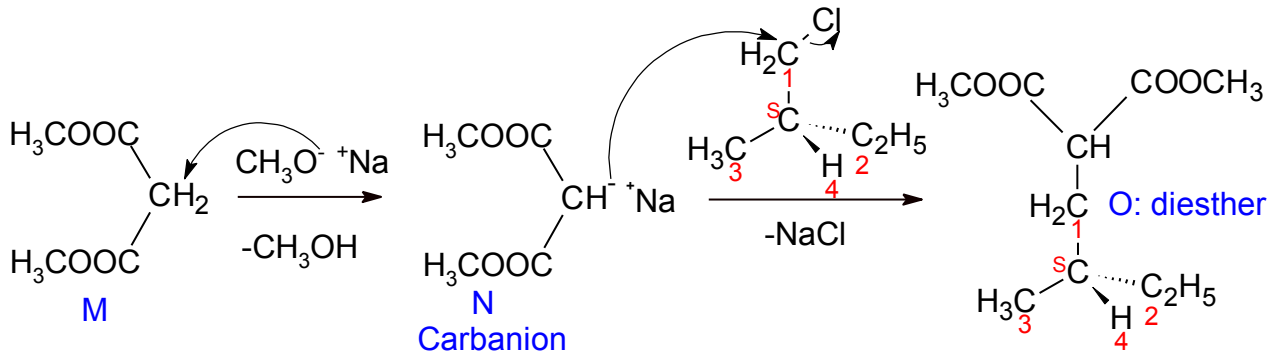
Question 13 : CD

Pour cette question, il fallait tout d'abord que la molécule de départ soit une cétone ou un aldéhyde, (mais toutes les propositions étaient soit l'une soit l'autre). Le cœur de la question était de savoir que la formation d'un aldéhyde insaturé ou d'une cétone insaturée par un traitement avec un excès de NaOH à chaud, n'est possible que si un carbone ADJACENT au carbonyle est DOUBLEMENT hydrogéné (car il va y avoir 2 déprotonations durant la réaction : une première pour former un aldol ou un cétoal, et une deuxième pour former un aldéhyde insaturé ou une cétone insaturée)

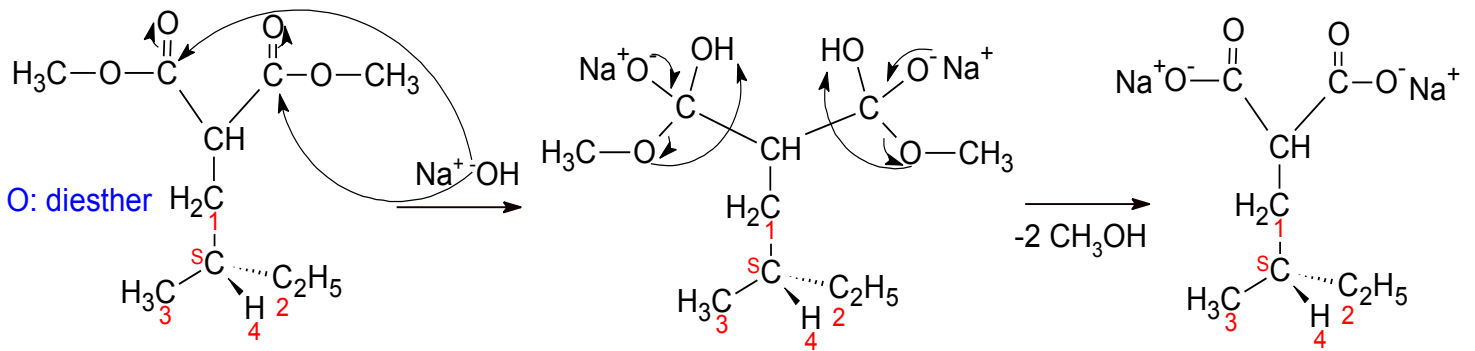
- A. **Faux.** Le carbone à gauche de celui qui porte la fonction carbonyle ne porte qu'un seul H. Celui de droite porte un groupement phényle : C_6H_5 (Attention à ne pas regarder trop vite et confondre avec C_2H_5 !) Or le premier carbone du groupement phényle n'est pas hydrogéné.
- B. **Faux.** Le carbone à gauche n'est pas hydrogéné et le groupement à droite porte un groupement phényle (idem item A).
- C. **Vrai.** Le carbone lié à celui qui porte le groupement carbonyle est doublement hydrogéné. Donc dans les conditions de traitement par NaOH et à chaud, cette molécule peut donner un aldéhyde insaturé.
- D. **Vrai.** Les 2 carbones liés à celui qui porte le groupement carbonyle sont doublement hydrogénés. Donc dans les conditions de traitement par NaOH et à chaud, cette molécule peut donner une cétone insaturée.
- E. **Faux.** Le seul carbone lié à celui qui porte le groupement carbonyle fait partie d'un groupement phényle. Il n'est donc pas hydrogéné.

Question 14 : BCE

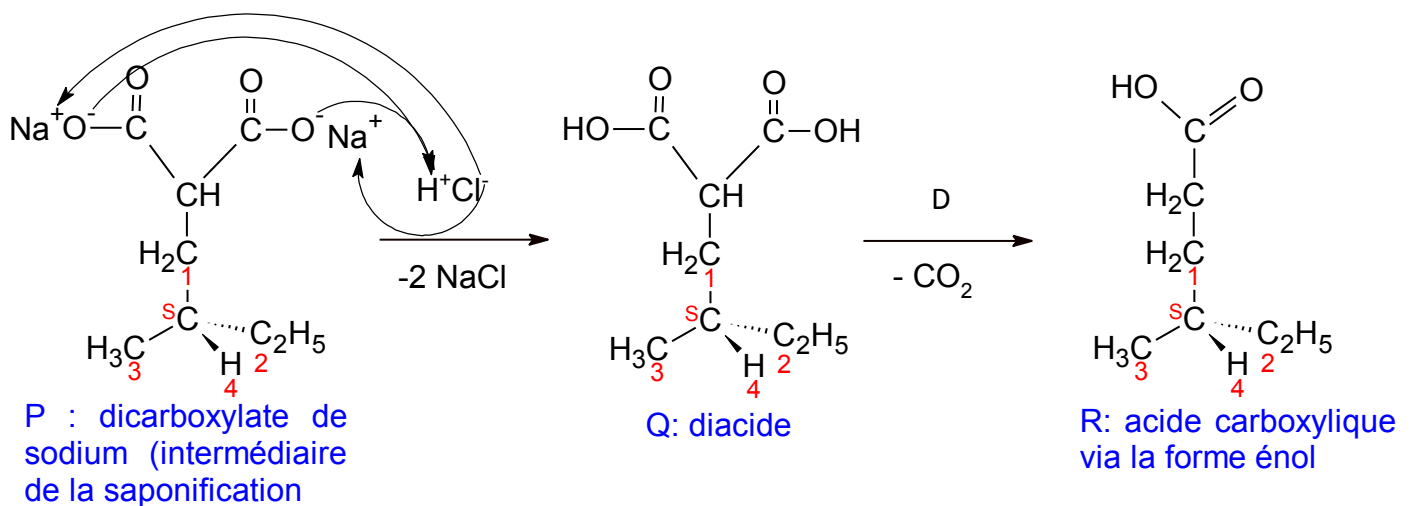
Mécanisme détaillé de cette synthèse malonique :



On n'a pas à se soucier de la création de carbone asymétrique lors de l'étape passant de N à O car le carbone qui va se lier à la molécule N porte 2 groupements identiques : les deux hydrogènes. Le seul carbone asymétrique de la molécule sera celui du bas, qui est de configuration S et qui ne sera pas modifié lors de cette étape.

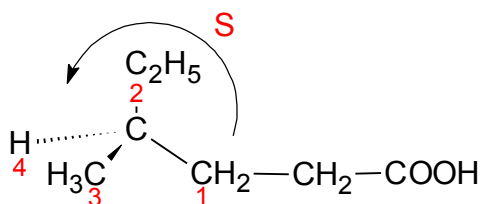


P : dicarboxylate de sodium (intermédiaire de la saponification)



- A. **Faux.** La réaction M et CH_3ONa est bien une réaction acide/base (où la base CH_3ONa capte un proton H^+) mais elle conduit à un carbanion (chargé $-$) et non à un carbocation.

- B. **Vrai.** Le mécanisme SN1 ou SN2 dépend du dérivé halogéné : s'il est tertiaire ou stabilisé par mésomérie, le mécanisme sera SN1. Si le dérivé halogéné est primaire ou secondaire, alors le mécanisme sera SN2. Ici, le dérivé halogéné est primaire (car le C qui porte le Cl est lié à un seul autre groupement carboné). On aura donc un mécanisme SN2.
- C. **Vrai.** Voir mécanisme.
- D. **Faux.** Q est un diacide (voir mécanisme).
- E. **Vrai.** On obtient un acide carboxylique de configuration absolue S (voir mécanisme). Dans l'énoncé, on nous donne la même molécule. Il faut juste vérifier qu'elle ait aussi son carbone asymétrique de configuration absolue S :

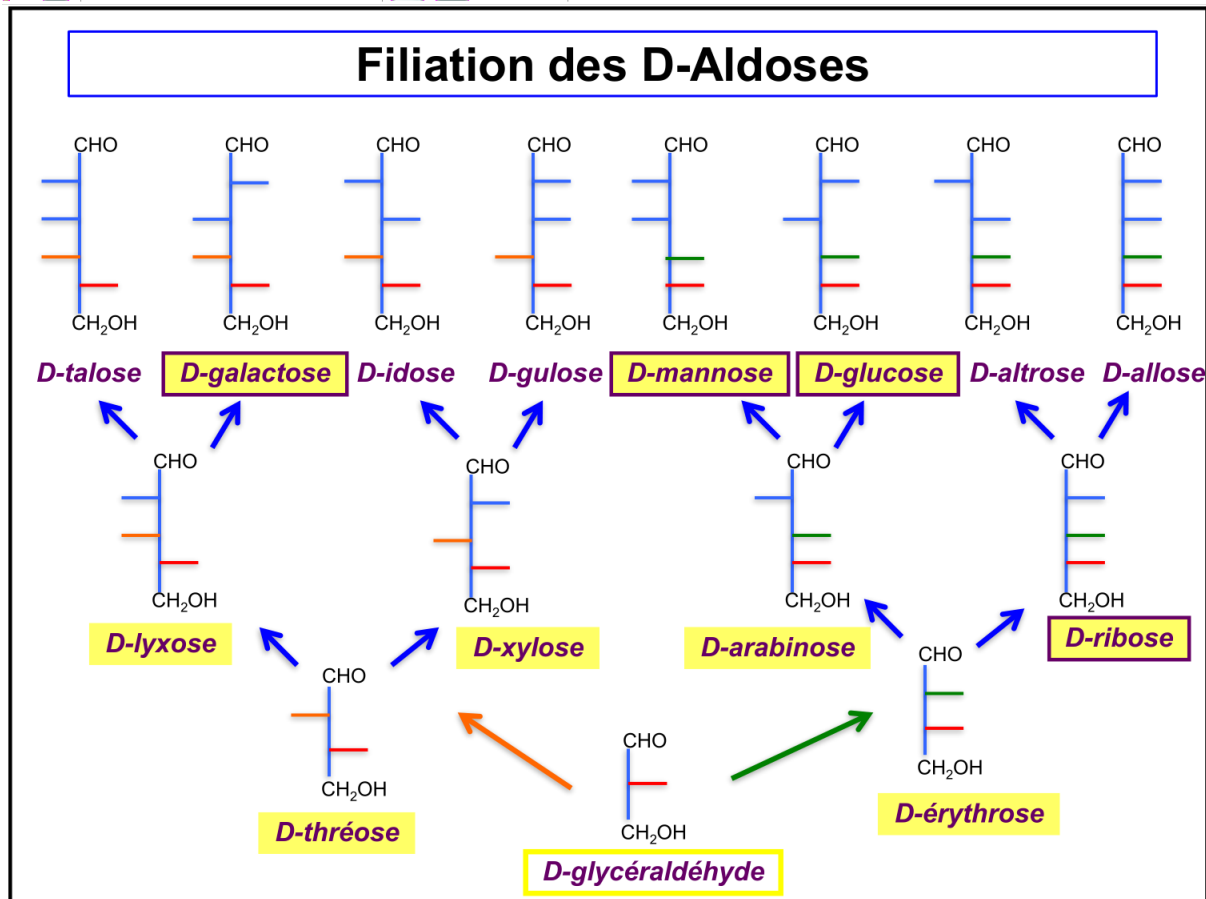


Question 15 : (A)D

- A. Il semble y avoir une coquille sur cet item, « l'acide gulonique » n'existe pas... Il y a donc trois possibilités :
- Soit le professeur a fait exprès de mettre le nom d'un ose qui n'existe pas, mais c'est un piège qui n'est habituellement jamais fait au concours, c'est pour cela que je penche plutôt sur l'hypothèse de la faute de frappe involontaire.
 - Soit le professeur parlait de l'acide gluconique, l'item est donc vrai
 - Soit le professeur parlait de l'acide glucuronique, l'item est alors faux car cet ose est oxydé en C6
- B. **Faux** : Comme on le voit avec le suffixe « -uronique », l'acide L-iduronique est un acide uronique
- C. **Faux** : L'expression « C-terminal a pour moi aucun sens pour un glucide, elle ne concerne que les peptides.
- D. **Vrai** : Ils sont constitués de répétitions de : [acide hexuronique + N-acétyl-hexosamine], et l'acide glucuronique est un des acides hexuroniques présent dans les GAGs.
- E. **Faux** : Acide sialique = ose avec une fonction acide N-acétyl neuraminique, c'est un dérivé à 9 carbones de la N-acétyl mannosamine, donc bien dérivé du mannose. Il est également présent dans les mucines. Cependant, ce n'est pas un acide uronique.

Question 16 : CE

- A. **Faux**, à partir du glucose
- B. **Faux**, de l'acide gluconique (oxydé en C1)
- C. **Vrai** : c'est le phénomène d'équilibration des proportions entre les anomères alpha et beta lorsqu'ils sont mis en solution.
- D. **Faux** : c'est un aldopentose, le cétopentose correspondant est le D-ribulose.
- E. **Vrai** : voici la filiation des oses à partir du D-glycéraldéhyde :

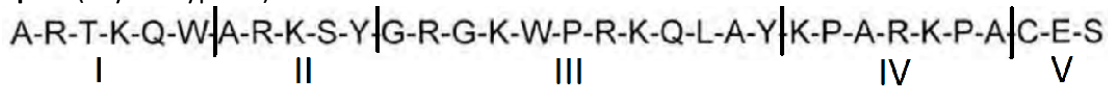


Question 17 : BCD`

- A. **Faux** : Les holosides sont des osides sans fraction non glucidiques (contrairement aux hétérosides). Comme ce sont des osides, ils sont constitués de plusieurs oses, donc hydrolysables.
- B. **Vrai** : L'amylase pancréatique clive l'amidon en disaccarides (sucrose, maltose, isomaltose et dextrines), eux-mêmes recoupés par les enzymes de la bordure en brosse de l'intestin. De plus, l'amidon possède des liaisons osidiques alpha 1-4 et alpha 1-6. Donc tout est vrai dans cet item
- C. **Vrai** : Ce sont des polysides homogènes, et plus précisément des glucosanes, uniquement constitués de glucose. De plus, il s'agit bien de D-glucose pour ces trois exemples.
- D. **Vrai** : Elle est constituée d'acide N-acétylmuramique et de N-acétylglucosamine associés à des peptides, donc bien de polysides hétérogènes. Cette construction leur sert de protection. Elle est la cible d'antibios, comme les bêta-lactamines, qui inhibent la synthèse de ces peptidoglycanes.
- E. **Faux** : de D-glucose.

Question 18 : AD

On commence par la coupure du peptide : il est digéré par l'acide 2-nitro-5-thiocyanobenzoïque et la chymotrypsine en condition standard. On coupe donc avant C (NTCB) et après W, F et Y, SAUF si P après (chymotrypsine)



A. Il n'y a malheureusement qu'une seule solution pour cet item : calculer tous les pHi et voir si les peptides sont tous inclus dans les points.

| | | |
|--------------|-------------------------|-------------------------|
| Peptide I: | A-R-T-K-Q-W | pI 11,5 (12,5+ 10,5/2) |
| Peptide II: | A-R-K-S-Y | pI 10,3 (10,5 + 10,1/2) |
| Peptide III: | G-R-G-K-W-P-R-K-Q-L-A-Y | pI 11,5 |
| Peptide IV: | K-P-A-R-K-P-A | pI 11,5 |
| Peptide V: | CES | pI 3,25 (2,2 + 4,3/2) |

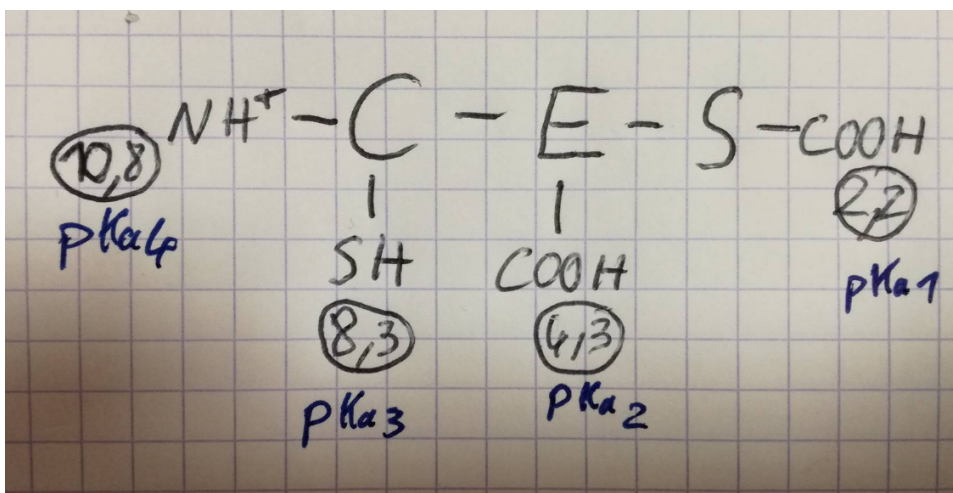
On voit que trois pHi différents pour ces 5 peptides, et ils correspondent bien aux points de l'IEF. A vrai.

- B. Faux : F absorbe à 257nm, ici, il n'y a que du W, qui absorbe à 280nm.
- C. Cet acide aminé est un acide glutamique, il contient deux groupements COOH de pKa 2,2 et 4,3 et un groupement NH₃⁺ de pKa 9,7. Cet acide aminé est neutre lorsque son groupement amine est chargé (+) et un seul de ses deux groupements acide carboxylique est chargé (-). Donc son pHi est entre 2,2 et 4,3, donc 3,25. C'est donc Faux.
- D. Vrai : Il s'agit ici de la méthylation, qui concerne K et E, qui l'on retrouve sur les 5 fragments. (tandis que l'acétylation, qui ne concerne que K, ne peut se faire sur le fragment V)
- E. Faux : sous sa forme méthylée, forme qui verrouille les gènes, et dans le cas de cancers, empêche les gènes suppresseurs de tumeur de s'exprimer.

Question 19 : BD

Il s'agit ici de la titration du peptide V : C-E-S

Le voici représenté avec ses groupements ionisables et leurs pKa respectifs, qui correspondent aux pKa de la courbe :

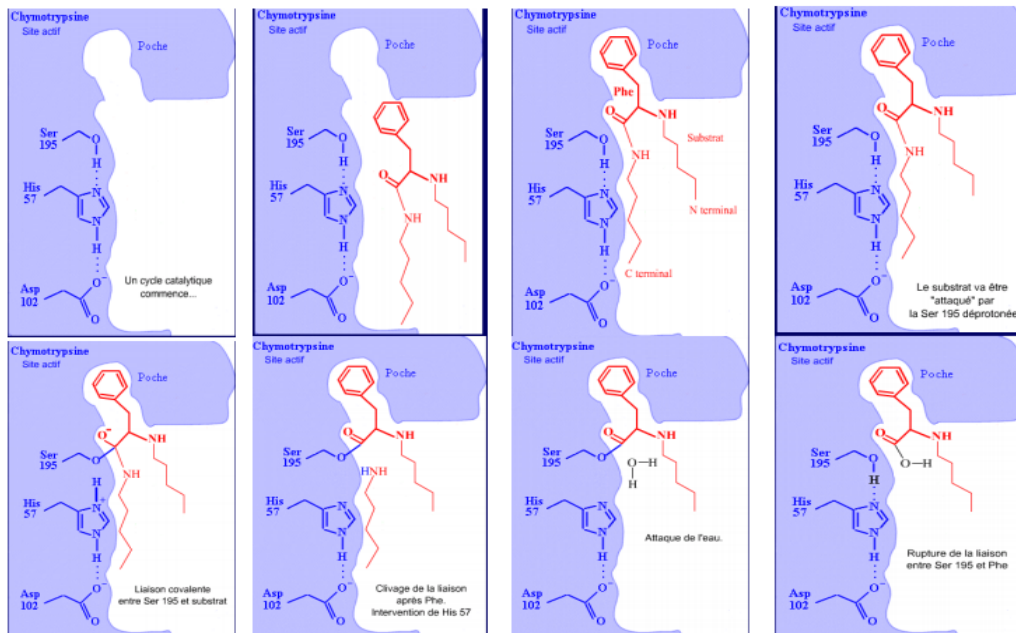


- A. Entre le pK1 et le pK2, le groupement acide carboxylique en C-term est déprotonné, donc chargé (-), et tous les autres groupements sont protonés, donc le peptide a une charge négative en C-term et une charge positive en N-term, les autres groupements sont neutres. La charge est donc nulle. Faux.

- B. **Vrai** : les deux groupements ac carboxylique sont négatifs, le groupement thiol de la cystéine est négatif aussi, et le groupement amine est neutre, cela fait donc trois charges négatives.
- C. La forme zwitterionique est la forme neutre du peptide, lorsque que toutes les charges s'annulent. Comme on l'a vu à l'item A, c'est entre le pK1 et le pK2. **Faux**
- D. Il s'agit de l'acide glutamique, c'est donc **vrai**.
- E. **Faux** : c'est la sélénocystéine qui a ce rôle, tandis que là nous avons une sérine.

Question 20 : E

- A. **Faux** : tout est dans ce schéma :



Je vous refais le déroulement :

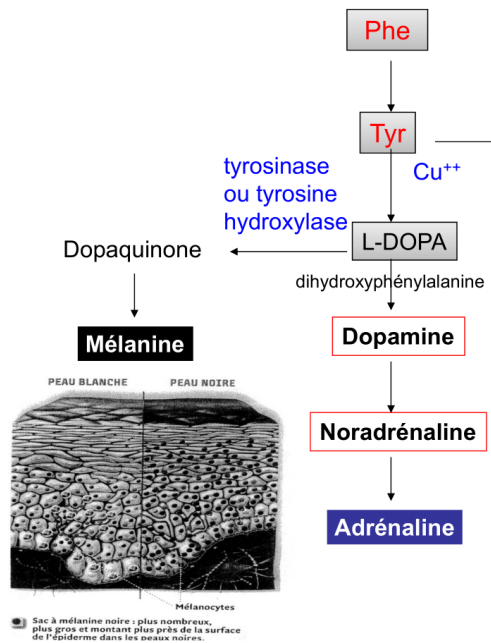
Au début, l'histidine est déprotonée et la sérine est protonée. L'histidine récupère le proton de la sérine, tandis que l'oxygène de la sérine fait une liaison avec l'AA avant la coupure (ici, Phe) (images 4 et 5).

Le proton que His a récupéré se fixe sur la fonction amine du résidu situé après Phe sur le peptide, cela permet de casser la liaison, le peptide est clivé (image 6).

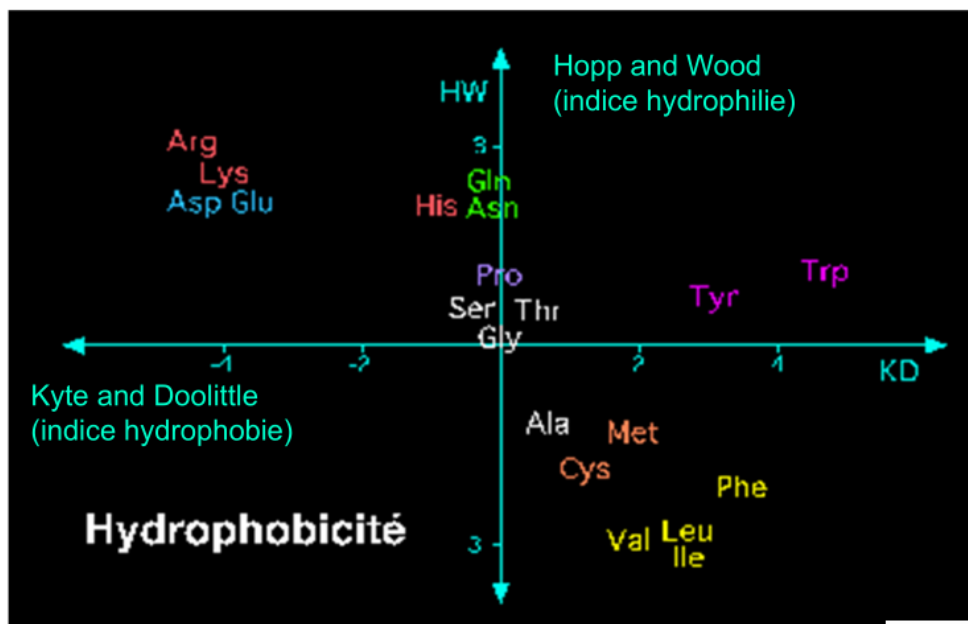
Une molécule d'eau permet enfin la rupture de la liaison entre Ser et Phe (images 7 et 8).

Ce mécanisme de coupure est à savoir !

- B. **Faux** : L'enzyme prolyl hydroxylase a pour rôle d'hydroxyler les prolines des fibres de collagène. L'hydroxylation stabilise les fibres entre elles, car la fonction -OH permet de faire des liaisons hydrogène avec les fibres voisines. Cet enzyme induit donc une stabilisation ! A l'inverse, le scorbut est une maladie due à un défaut d'activité de cet enzyme, les fibres sont alors instables.
- C. **Faux** : cf diapo 28 du cours 2 de cette année : la tyrosine hydroxylase est l'enzyme qui catalyse la réaction Tyr → L-DOPA, ce dernier étant précurseur de la mélanine et de la noradrénaline, donc cet enzyme est impliqué dans les deux synthèses.



- D. **faux**, elle réagit bien avec le PITC, ce qui lui permet d'être détectée.
- E. **Vrai** : Tout est dans ce schéma : ce qui nous intéresse ici est l'axe des ordonnées : l'hydrophilie.



On voit bien que les AA ayant l'indice le plus élevé sont l'arginine et la lysine, et la valine, la leucine et l'isoleucine le plus faible.

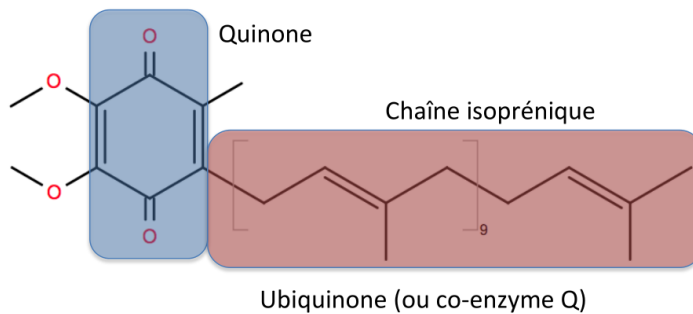
Question 21 : BCDE

- A. **Faux** : Piège récurrent : W est détruit par l'hydrolyse HCl.
- B. **Vrai** : On parle toujours du peptide « CES ». il n'a que 2 liaisons, donc la réaction se fait mais est instable (Moyret-Lalle dis en cours qu'elle n'est pas bien visible, je pense qu'elle considère ça comme équivalent : ce n'est pas bien visible car instable.)
- C. **Vrai** : ils ont tous deux 9 AA dont seuls deux diffèrent.

- D. **Vrai**, c'est dans le cours, je n'ai rien à rajouter là, sorry.
- E. **Vrai**, il est précurseur du GLP1 et GLP2, antagonistes du glucagon, et est évidemment également précurseur du glucagon. Le tout a une origine pancréatique.

Question 22 : C (D) (E)

- A. **Faux**, en cg !! Depuis cette année le professeur Meurette précise : en cg pour un g de corps gras traités, ou en g pour 100g traités.
- B. **Faux**, non stœchiométrique, car il faut deux moles de OH^- pour hydrolyser une mole de DAG
- C. **Vrai** :



- D. hors programme cette année, c'est vrai
- E. hors programme cette année, c'est vrai

Question 23 : CE

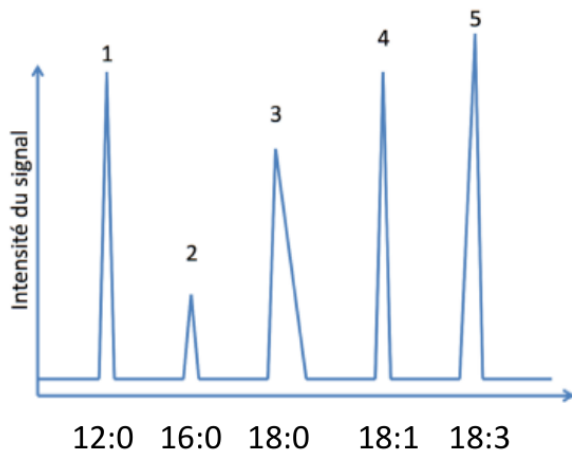
- A. **Faux** : les plus denses sont les HDL et VLDL.
- B. **Faux** : par la lipoprotéine lipase dans le sang.

A partir de là on doit analyser les figures de l'énoncé :

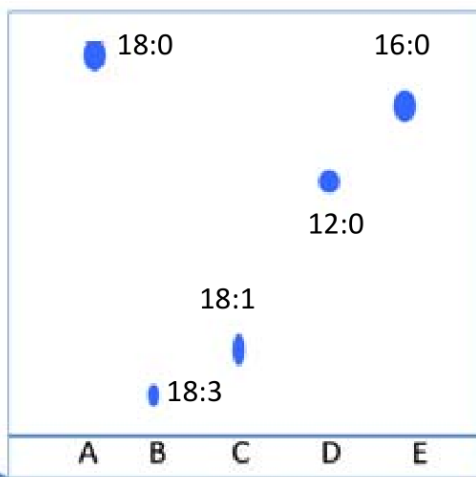
On a :

- l'acide oléique : 18:1
- l'acide linoléique : 18:3
- l'acide laurique : 12:0
- l'acide stéarique : 18:0
- l'acide palmitique : 16:0

Sur la CPG, le temps de rétention augmente avec le nombre de carbones et avec le nombre d'insaturations, ça donne donc :



La CCM est plus délicate : les AG migrent plus loin si ils ont plus de carbones (car ils sont plus hydrophobes, donc mieux emportés par le solvant apolaire), mais leurs insaturations les font migrer beaucoup moins loin ! D'après le professeur, ça donne ça :

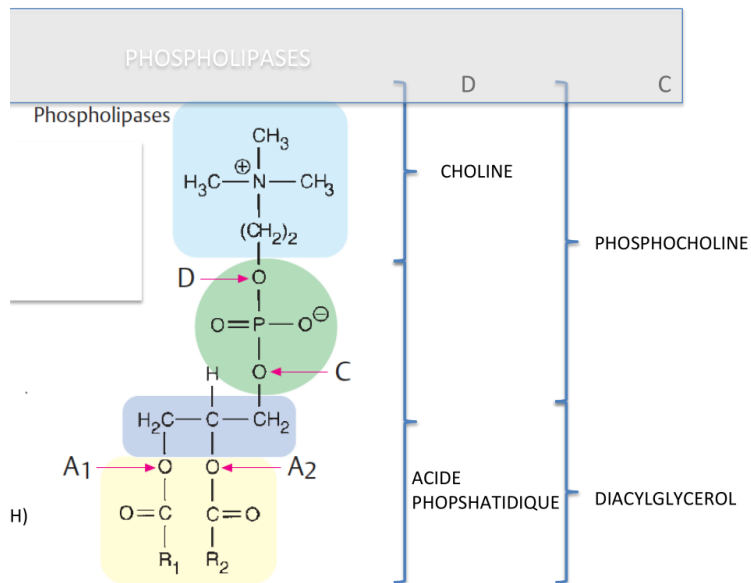


On peut donc répondre aux items :

- C. **Vrai** : En CPG, l'AG en 3 est le 18:0, c'est bien l'AG en A en CCM
- D. **Faux** : l'acide oléique (18 :1) est bien l'AG en C en CCM, mais c'est l'AG en 4 en CPG.
- E. **Vrai**, il s'agit de l'acide linoléique, qui est bien un AG essentiel.

Question 24 : A (C)

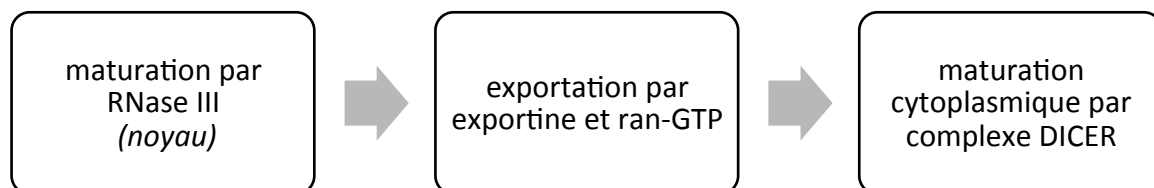
- A. **vrai**, c'est l'acide laurique, il est bien insoluble car il possède 12 carbones.
- B. L'acide gras en C en CCM est le 18 :1, l'acide gras en 5 en CPG est le 18 :3. Le point de fusion diminue avec le nombre d'insaturations, c'est donc **faux**.
- C. Hors programme, c'est **vrai**
- D. C'est **faux**, on voit sur le schéma ci-dessous que la phospholipase C libère le phosphate avec le groupement choline et éthanolamine : elle libèrerait de la phosphocholine et phosphoéthanolamine. C'est donc la phospholipase D qui serait responsable de la libération de la choline et de l'éthanolamine.



E. Hors programme, c'est **faux**, ces liposomes ne sont utilisés que pour les maladies hépatiques.

Question 25 : BCDE

- A. **faux** : les ARNsno n'interviennent pas dans l'épissage des introns mais dans la maturation des ARN
- B. **vrai** : un défaut d'épissage de l'ARN codant pour une protéine du cytosquelette peut entraîner une démence
- C. **vrai** : la maturation du MiARN commence dans le noyau par l'action d'une **Rnase de type III**, le MiARN est ensuite exporté hors du noyau par des **exportines** et la **RAN-GTP**. Une fois dans le cytoplasme, la maturation continue sous l'action du complexe **Dicer** (une seconde **RNase de type III**)



- D. **Vrai** : un MiARN peut s'hybrider sur différents ARNm qui coderont chacun pour différentes protéines, car il ne reconnaît que 7 à 8 nucléotides et la reconnaissance n'a pas besoin d'être 100% complémentaire.
- E. **Vrai** : les MiARN ont deux mécanismes d'action une fois hybridés:
- Entraîner la dégradation des ARNm
 - Bloquer leur traduction

Question 26 : BD

- A. **faux** : la télomérase est une ADN polymérase ARN dépendante car elle utilise une amorce d'ARN pour produire de l'ADN et ainsi réparer les extrémités des chromosomes
- B. **vrai** : c'est une transcriptase inverse
- C. **faux** : une forte activité télomérasique empêche la sénescence (mort de la cellule)

- D. **vrai** : la télomérase rajoute des séquences identiques en bout de chromosomes **
- E. **faux** : il n'y a pas de télomérase chez les procaryote

Question 27 : **BD**

Attention à bien lire les phrases d'énoncés de Mme Cohen : ici on parlait **uniquement de l'homme**

- A. **faux** : la photolyase n'est pas présente chez l'homme
- B. **vrai** : lors d'une réparation par recombinaison homologue, l'ADN polymérase dépasse la lésion et laisse une brèche dite post répllicative sur le brin fils. Elle reprend ensuite la réplication en prenant comme matrice la séquence après la lésion majeure
- C. **faux** : la réparation de type Ner fait intervenir : **une excinucléase ABC puis une ADN hélicase**. Elle ne fait pas intervenir d'adn glycosylase (correspond au système **BER**)
- D. **vrai** : les réparations de type BER et NER font intervenir une adn polymérase et une ADN ligase en dernière étape
- E. **faux** : les agents provoquent l'ajout de bases méthyle et alkyle et non le retrait (**déméthylation**)

Question 28 : **ABD**

- A. **vrai** : en l'absence de Fe, l'aconitase se fixe sur une séquence en 5' UTR de la ferritine de manière à empêcher la traduction
- B. **vrai** : la région en 5'UTR
- C. **faux** : le 5'UTR est la région situé entre le début de la transcription et la traduction or la TATA box est situé avant le début de la transcription. Donc la TATA box n'est pas situé dans le 5' UTR.
- D. **vrai** : fonction du lieux de la polyadénylation et de la fin de la transcription vont modifier la taille du 3'UTR
- E. **faux** : la taille de la région 3'UTR n'intervient pas dans la durée de vie, c'est le 5' UTR qui intervient dans la demie-vie.

Question 29 : **AC**

- A. **vrai** : le code mitochondrial diffère du code génétique. Des codons stops peuvent donc coder pour un Acide aminé.
- B. **faux** : la traduction ne se fait que dans le cytoplasme.
- C. **vrai** : la traduction fait intervenir des facteurs d'élongation et de traduction appartenant à la famille des protéines G
- D. **faux** : la liaison se fait dans le sens COOH vers le NH₂
- E. **faux** : un codon ne peut coder que pour un seul AA par contre un AA peut être codé par plusieurs codons (**dégénérescence du code génétique**)

Problème de Biomol 2015/2016

A chaque fois que vous arrivez sur un problème de biologie moléculaire, il est impératif de déterminer ce que signifie les séquences fournies. Ici, la séquence 1 représente la séquence d'ADNg du gène étudié et la séquence 2 représente l'ADNc, qui est transcrite et épissée. On la reconnaît car il n'y a que des exons et on y retrouve le début de la transcription en superposant les deux séquences.

Question 30 : C

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 sont différentes.

Voici les différentes étapes à suivre :

- Dans un premier temps, nous allons chercher à quel nucléotide commence la transcription (nucléotide 302 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 302 à 424).
- Nous avons donc 9 exons codant et 1 exon non codant en 5' → **C VRAI**

Question 31 : ABCD

- A. **VRAI** : La traduction commence toujours par la synthèse d'une méthionine chez les eucaryotes : elle marque donc le début de la synthèse des acides aminés. Le premier nucléotide codant la méthionine se trouve donc bien en 633 de la séquence 1
- B. **VRAI** : En effet, le motif TATA est difficile à distinguer en 5' du gène. On vous rappelle ici que certains gènes n'ont juste pas de boîte TATA : ce sont les gènes ubiquitairesC
- C. **VRAI** : On a la présence de 6 CAG (sites accepteurs forts : fréquents dans 80% des cas), de 2 TAG et 1 AAG (qui sont des sites accepteurs faibles, moins fréquemment rencontrés)
- D. **VRAI** : Voir dernier AA séquence 2
- E. **FAUX** : C'est un piège !!! En effet, il y a 7 nucléotides à la fin de la séquence 2 qui ne sont pas présents dans l'ADNg (séquence 1). Ils correspondent à une queue poly A (AAAAAAA)

Question 32 : C

La partie 3'UTR se situe après le codon stop (TAA ☐ Cf. Cours sur L'ADN), soit après la fin de la traduction de l'ADNc (séquence 2) et se termine au niveau du dernier nucléotide transcrit.

Le dernier nucléotide traduit est en position 2032 et le dernier transcrit est position 2692.

Nous avons donc 660 nucléotides dans la partie 3' UTR.

A 5 nucléotides près, on retrouve l'item C (656 nucléotides). → **C VRAI**

Question 33 : ACE

Dans ce type de question, il vaut mieux étudier la séquence d'ADNg. Elle est plus complète et contient toutes les informations de notre gène.

- A. **VRAI** : En regardant vers les nucléotides 5380 jusqu'au 5440, on observe une répétition dinucléotidique répétée (GT).
- B. **FAUX** : En regardant vers les nucléotides en 5840 on observe beaucoup de G et de A mais non répétée de manière constante comme dans l'item précédent. L'item est donc faux.
- C. **VRAI** : Ici on n'a qu'à regarder si la séquence est présente aussi au niveau de l'ADNc. C'est le cas au niveau de la partie 3' UTR, au niveau du nucléotide 2390.

- D. **FAUX** : Ici nous sommes en présence d'un microsatellite. Ce dernier est un polymorphisme multi-allélique.
- E. **VRAI** : Par définition, un microsatellite est une répétition dinucléotidique.

Question 34 : **AD**

- A. **VRAI** : En effet, les microsatellites sont des parties de gènes qui varient entre deux individus. On peut donc prouver que c'est un microsatellite en le comparant avec deux ADN d'individus non apparentés et essayer de trouver une différence
- B. **FAUX** : Si l'amorce est déduite du microsat, alors elle pourra se fixer où elle veut dans le microsat, et on ne pourra pas connaître la longueur de celui-ci. Rappel : pour amplifier un microsat, il faut une amorce avant et après celui-ci.
- C. **FAUX** : Attention encore un piège !! Le gel d'agarose permet de montrer des différences de 1 à 2 kb ! Ici, on veut montrer des différences beaucoup plus petites de l'ordre de 2 pb : on utilisera alors un gel d'acrylamide !
- D. **VRAI** : Comme le nombre de paires de bases du microsat est pair dans la séquence et que celui-ci est dinucléotidique, on s'attend à avoir des fragments d'un nombre pair de pb.

Question 35 : **CDE**

Pour ce QCM, il suffisait de voir quand la traduction s'arrêtait pour un exon (c'est-à-dire au nucléotide 1, 2, ou 3 dans l'acide aminé codé), de sauter les différents exons qu'on nous donnait dans les item et voir si on reprenait bien là où on c'est arrêté.

- A. **FAUX** : On s'arrête en +1 et si on saute l'exon 5, on reprend en +1, on aura donc un décalage du cadre de lecture.
- B. **FAUX** : On s'arrête en +3 et si on saute l'exon 6, on reprend en +2.
- C. **VRAI** : On s'arrête en +1 et on reprend en +2. On n'a donc pas de décalage du cadre de lecture, car les AA codés dans notre exon 8 seront les mêmes qu'on ait sauté ou non l'exon 7.
- D. **VRAI** : On s'arrête en +1 et on reprend en +2.
- E. **VRAI** : On s'arrête en +1 et on reprend en +2.

Question 36 : **DE**

- A. **FAUX** : La protéine sera réduite mais ne sera pas tronquée car la délétion de l'exon 7 n'entraîne pas de décalage du cadre de lecture
- B. **FAUX** : L'ARN sera plus court vu qu'il perd un exon.
- C. **FAUX** : Par PCR on veut étudier un SNP ou un microsatellite. Or ici nous avons la délétion complète d'un exon.
- D. **VRAI** : Notre protéine possède 622 Acides aminés, dont l'exon 7 qui en comporte 74 → $622 - 74 = 548$ Acides aminés
- E. **VRAI** : Car la PCR ici est inapplicable. De plus, il se peut que les parents soient des porteurs hétérozygotes de cette délétion.

Question 37 : **BDE**

- A. **FAUX** : Au début du problème on nous dit que notre gène est exprimé majoritairement dans le foie et le rein.
- B. **VRAI** : Cette méthode permet de lyser la membrane cellulaire et de récupérer les protéines cytoplasmiques. Au début du problème on nous précise que notre protéine est cytoplasmique. Ceci est donc une étape nécessaire à sa purification.

- C. **FAUX** : Ce n'est pas l'aliquot de surnageant qui est incubé avec l'anticorps, mais la membrane de nylon.
- D. **VRAI** : Afin de faire migrer les différentes protéines qui étaient présentes dans notre cellule, et isolé celle qui nous intéresse.
- E. **VRAI** : On utilise ici le principe des anticorps primaires et secondaires.

Question 38 : **B**

Dans ce QCM, on peut déjà éliminer le profil 1, 3 et 4, car ce sont des profils homozygotes. (On observe qu'une seule bande, ça veut dire qu'on a qu'une seule et même version de notre protéine.)

→ **A, C, D FAUX**

Comme la délétion de l'exon 7 n'entraîne pas de décalage du cadre de lecture, on a juste enlevé le nombre d'Acides aminés de cet exon.

Attention, le professeur Morel considère qu'un AA = 118,75 Da (environ 120Da) et non pas 110 Da comme pour Pr Moyret-Lalle !!

La protéine normale fait 622 AA ($622 \times 120 = 74 \text{ KDa}$) et la délétion de l'exon 7 enlève 74 AA : la protéine mutée fait donc 548 AA ($548 \times 120 = 66 \text{ KDa}$)

Item **B VRAI** et Item **E FAUX**

Question 39 : **BDE**

- A. **FAUX** : Elle possède 2 fonctions acide carboxylique, ce ne peut donc pas être un triacide.
- B. **VRAI** : Par définition, un acide α - cétonique est un acide possédant un groupement cétone sur son carbone α (ce qui est le cas ici).
- C. **FAUX** : L'oxaloacétate permet l'entrée de NAD⁺ dans la mitochondrie en s'oxydant en malate.
- D. **VRAI** : L'Oxaloacétate doit subir des transformations pour passer la membrane interne de la mitochondrie. Ce qui prouve que cette dernière diffuse difficilement à travers.
- E. **VRAI** : D'après le cours sur le cycle de Krebs, on pouvait facilement retrouver le nom de la molécule S1, qui est l'oxaloacétate.

Question 40 : **ADE**

- A. **VRAI** : D'où l'intérêt de bien lire l'énoncé dans un pb de Morel !!! C'est écrit au tout début du problème : « le foie et le rein. La protéine est cytosolique. »
- B. **FAUX** : Sur le schéma de la réaction, on peut voir que pour S1 \Rightarrow P1, on a besoin de GTP pour le transformé en P2.
- C. **FAUX**
- D. **VRAI** : D'après le cours, lors de la néoglucogenèse, l'oxaloacétate se fixe sur Phospho-Enol-Pyruvate (=PEP) Carboxykinase pour former du PEP en transformant du GTP en GDP + CO₂.

$$\text{oxaloacétate} + \text{GTP} \rightleftharpoons \text{PEP} + \text{CO}_2 + \text{GDP}$$
- E. **VRAI** : En effet, la première étape est le passage du pyruvate à l'Oxaloacétate et la dernière étape du contournement de la pyruvate kinase est le passage de l'oxaloacétate au PEP ☺

Question 41 : ADE

- A. **VRAI** : l'OAA est transformé en aspartate par une transaminase → L'aspartate aminotransférase dans le système malate-aspartate.
- B. **FAUX**
- C. **FAUX**
- D. **VRAI** : Le NADH, H⁺ du cytosol est utilisé pour réduire de l'oxaloacétate provenant de l'aspartate en malate (d'où le nom de la navette) grâce à la malate-déshydrogénase cytosolique.
- E. **VRAI** : A partir du pyruvate obtenu à la fin de la glycolyse.

Question 42 : BCD

- A. **FAUX** : Pour 4 μM de substrat S1 on obtient le K_m qui représente l'occupation de la moitié des sites actifs des enzymes (Car quand $[S] = K \Rightarrow V = V_{\text{max}}/2$ de la réaction $S1 \Rightarrow P1$)
- B. **VRAI** : On peut dire que cette réaction est peu réversible en comparant les concentrations en μM pour pouvoir inverser la réaction, c'est à dire que $P1 \Rightarrow S1$ (soit 450 μM)
- C. **VRAI** : Car plus notre K_m est grand, plus l'affinité pour l'enzyme est faible. (Pour comprendre : Si j'ai besoin d'avoir beaucoup de molécule pour obtenir une $V = V_{\text{max}}/2$, ça veut dire que ma molécule "n'aime pas" l'enzyme, est donc qu'elle n'a pas une grande affinité pour l'enzyme.)
- D. **VRAI** : Par définition, la constante catalytique (ou K_{cat}) est le nombre **maximum** de produits P1 formé par unité de temps par l'enzyme. Pour la mesure, l'enzyme doit fonctionner à 100% et donc avec des concentrations en substrat $S1 > 4 \mu\text{M}$ (si on veut être précis, on pourrait dire que pour calculer K_{cat} il faudrait $[S1] \sim 8 \mu\text{M}$)
- E. **FAUX** : Pour savoir qui a la meilleur affinité avec l'enzyme, il suffit de prendre le substrat pour laquelle la réaction a le plus petit K_m (Cf. item C) \Rightarrow C'est le substrat S1.

Question 43 : AC(D)

- A. **VRAI** : Lorsque deux isoformes proviennent d'un même chromosome, on peut se dire qu'il y a eu une mutation dans la transcription de ces deux protéines (exemple : Apo B100 et Apo B48). Ici, on est dans deux chromosomes différents, donc la principale explication est due à la duplication d'un gène ancestral.
- B. **FAUX** : Les 17 acides aminés supplémentaires peuvent jouer sur la localisation ou sur la régulation de l'enzyme. Ce n'est pas parce qu'ils n'interviennent pas dans l'activité enzymatiques qu'ils ne possèdent aucune fonction.
- C. **VRAI** : Car ils sont la même action même si ces enzymes se situent à des endroits différents.
- D. (**VRAI**) : Le débat est lancé !! on est pas sûr pour cet item
- E. **FAUX** : Les gènes ne s'expriment pas au même endroit, ils possèdent donc des promoteurs différents.

Question 44 : CE

Dans l'énoncé, on nous donne des informations importantes : le gène de la 1,6 biphosphatase n'est pas retrouvé (enzyme servant au contournement de l'étape de la PFK1 dans la néoglucogenèse). De plus, celle-ci intervient dans la synthèse de triglycérides sans intervenir dans la synthèse d'AG : on peut penser donc que cette enzyme intervient dans la formation du glycérol, indispensable à la formation de triglycéride ! (E)

- A. **FAUX** : L'orientation de l'OAA vers le malate n'intervient pas dans la formation de triglycérides mais dans la phosphorylation oxydative.
- B. **FAUX** : Si cette enzyme forme du glyceraldéhyde 3-P alors que la 1,6 biphosphatase n'est pas présente, c'est inutile ! En effet, en connaissant la néoglucogenèse, on se rend compte que cette formation sans cette enzyme ne permettra pas d'obtenir du glucose et donc du glycérol !
- C. **VRAI** : Si cette enzyme forme du glucose 6-P, elle pourra former du glucose (dans le RE de tissu appropriés) et donc du glycérol !
- D. **FAUX** : La sphingosine n'intervient pas dans la formation des triglycérides.
- E. **VRAI** : Le glycérol est le squelette de base des triglycérides.

Question 45 : AD

- A. **VRAI** : Par cette méthode on peut déterminer la séquence de l'enhancer.
- B. **FAUX**
- C. **FAUX** : Car même si on a la séquence, on ne sait pas où se fixe nos facteurs de transcription.
- D. **VRAI** : De cette manière on peut voir où s'expriment notre gène et ainsi voir où se situent les interactions sur sa séquence en 5'.
- E. **FAUX** : Cette méthode est utilisée pour l'étude de l'ARN.

Question 46 : CE

D'après le retard sur gel que l'on a effectué, on peut en déduire qu'il y a une protéine qui lie spécifiquement la sonde radioactive A. En effet, lorsque l'on utilise la sonde A mutée froide, la protéine ne se fixe pas dessus et reste fixée sur notre sonde normale. De plus, on peut observer un supershift lorsque l'on utilise un anticorps anti-TF1 : cet anticorps a donc bien reconnu la protéine qui liait l'ADN ! Cette protéine est donc TF1.

Puisque dans l'énoncé, on nous dit que l'enhancer de cette protéine est CRE, la protéine est forcément CREB ☺

- A. **FAUX** : Il reconnaît une protéine ayant un domaine leucine-zipper (CREB)
- B. **FAUX** : C'est l'anticorps anti-TF1 qui reconnaît la protéine avec le domaine leucine zipper.
- C. **VRAI** : En effet, CREB est bien phosphorylé par la PKA pour être activé et pour pouvoir réguler la transcription
- D. **FAUX** : CRE (= Cyclic Response Element) est une séquence régulatrice du gène.
- E. **VRAI** : L'AMPc a un rôle important dans la transmission du message des récepteurs couplés aux protéines G ! C'est donc bien un second messager. De plus, cette voie augmente bien la transcription de PEPCK d'après notre cours sur la néoglucogenèse (le glucagon stimule son expression).

Question 47 : A

- A. **VRAI** : Ici il suffisait de connaître son cours sur les stéroïdes.

Question 48 : A(B)C

Ici on réalise la même expérience que dans le QCM 46, sauf que l'on utilise la sonde radioactive B. D'après la même réflexion, c'est TF2 qui lie TFBSB. On en déduit que TF2 est le récepteur nucléaire des glucocorticoïdes (GR), car le cortisol se fixe dessus d'après l'énoncé.

- A. **VRAI** : Si TF2 est un GR alors TFBSB est un GRE (« glucocorticoïde response element »), c'est-à-dire son enhancer
- B. **VRAI** : En effet, GR possède deux doigts de zinc. Cependant, cet item est très ambiguë... On ne sait pas si on parle du récepteur nucléaire inactif ou bien activé ! En effet, s'il s'agit du RN actif, ses deux domaines de doigts de zinc se dimérise et il possède alors 4 doigts de zincs.
- C. **VRAI** : D'après le cours, GR est un homodimère
- D. **FAUX** : GRE est un enhancer et non pas un silencer ! Il active l'expression du gène en recrutant des coactivateurs qui ont une activité histone acétylase
- E. **FAUX** : La transcription de ce gène est augmenté lors du jeune, c'est-à-dire lorsque ce produit la néoglucogénèse

Question 49 : BDE

On étudie ici le dernier TFB qui correspond à IRE d'après notre cours sur la néoglucogénèse. De plus, toujours d'après celui-ci, IRE est un silencer qui diminue l'expression de ce gène :

- A. **FAUX** : Il y a un ralentissement de la sonde visible dans toutes les expériences sauf dans l'expérience avec la sonde C normale froide (ce qui est normal)
- B. **VRAI** : En effet, s'il liait TF3, il y aurait eu la présence d'un supershift lorsque l'on aurait utilisé l'anticorps anti TF3 !
- C. **FAUX** : Comme c'est un silencer, il possède une activité histone désacétylase
- D. **VRAI**
- E. **VRAI** : même réflexion que pour la B

Question 50 : ADE

- A. **VRAI** : L'insuline diminue la glycémie (taux de sucre dans le sang) en faisant entrer les glucides sanguins dans les tissus, en favorisant la glycolyse.
- B. **FAUX** : Elle stimule les enzymes de la glycolyse à **PROXIMITÉS** des repas. **FAUX** : L'insuline cherche à inhiber la néoglucogénèse, donc essaye d'inhiber la transcription de PEPCCK

Rappel : L'insuline stocke les glucides sous forme de glycogène dans le foie ou bien cherche à les transformer en pyruvate en les faisant passer par la glycolyse. Le glucagon à l'inverse, cherche à augmenter la glycémie (taux de sucre dans le sang).

- C. **VRAI** : C'est la glycolyse.
- D. **VRAI** : Le récepteur à l'insuline est bien un récepteur tyrosine kinase