

Université Claude Bernard



Lyon 1



Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2015 - 2016

Unité d'Enseignement 1

CORRECTION ANNALES

Année 2014-2015

Réalisée par:

**Maëlle GIRERD
Vanessa MOUKARZEL
Benoît BERRUYER
Thibault BROALLIER
Quentin BUGÉAT**

INFORMATIONS IMPORTANTES :



Les corrections officielles sont signalées.



Dans tous les cas, les détails donnés dans la correction détaillée **ne correspondent pas à des éléments officiels**, il s'agit de commentaires étudiants.



Pour vous y retrouver :

- En **VERT** : les items justes
- En **ROUGE** : les items faux
- En **ORANGE** : les items annulés ou litigieux, pour lesquels nous ne pouvons pas donner de réponses précises.

1	CD
2	D
3	ACE
4	BCE
5	RIEN
6	CD
7	BC
8	BDE
9	ABCE
10	ADE
11	BE
12	C
13	D
14	ADE
15	CE
16	CDE
17	ACD
18	CD

19	DE
20	ACE
21	AD
22	C
23	E
24	AD
25	ABE
26	AD
27	A
28	ABCD
29	BDE
30	ACD
31	ABCE
32	ABCDE
33	ABCD
34	CE
35	ADE
36	ABDE

37	BCD
38	DE
39	E
40	D
41	D
42	ADE
43	ABCD
44	ACD
45	AC
46	ABE
47	ACDE
48	B
49	BCE
50	D
51	ABE
52	ACE

Question 1 : CD

- A. **Faux** : L'expérience des rayons cathodiques a mis en évidence l'existence des électrons. C'est l'expérience de Rutherford qui a mis en évidence le noyau des atomes
- B. **Faux** : Un atome peut être excité de différentes manières (champ électrique, énergie lumineuse...). Il émet alors quelques raies lumineuses en se désexcitant. Son émission n'est donc pas continue mais peut quand même regrouper plusieurs longueurs d'onde et non une seule.
- C. **Vrai** : Ce sont les 4 nombres quantiques.
- D. **Vrai** : Attention ! ψ^2 ne correspond pas à la trajectoire mais bien à la probabilité de présence de l'électron.
- E. **Faux** : L'orbitale décrite est 2s

Question 2 : D

1) On commence par chercher le nombre d'électrons de valence (électrons de la dernière couche) :

S \rightarrow Z=16 \rightarrow 6 électrons de valence

Cl \rightarrow Z=17 \rightarrow 7 électrons de valence

O \rightarrow Z=8 \rightarrow 6 électrons de valence

Au total on doit donc avoir $6+2 \times 7+2 \times 6=32$ électrons soit 16 doublets

La B et la C ont 17 doublets \rightarrow **B et C FAUX**

2) On calcule la charge formelle des différents atomes puis la valeur absolue de la charge formelle totale :

Molécule A : $| -1| + | -1| + |0| + |0| + |2| = 4$

Molécule D : $|0| + |0| + |0| + |0| + |0| = 0$

Molécule E : $| -1| + |0| + |0| + |1| + |0| = 2$

Donc **D VRAI**

Question 3 : ACE

La molécule D est de formule VSEPR AX_4 car le soufre est lié à 4 atomes \rightarrow **A Vrai B Faux**

Le soufre possède un nombre d'électrons supérieur à la règle de l'octet \rightarrow **C Vrai**

Les doubles liaisons ont tendance à prendre plus d'espace que les simples liaisons donc il y a une déformation de la structure \rightarrow **D Faux E Vrai**

Question 4 : BCE

- A. **Faux** : L'enceinte est dilatable donc l'ajout de gaz n'entraîne pas de modification de pression. Ainsi un ajout de gaz n'aurait rien changé à la réaction (sauf si ce gaz est un réactif ou un produit). Cependant ici on nous dit qu'on augmente la pression. Ainsi, que l'enceinte soit dilatable ou indilatable n'a pas d'importance, la réaction va forcément s'opposer à cette augmentation de pression en diminuant le nombre de molécule de gaz. Le coefficient stoechiométrique de A est plus grand que celui de E donc la réaction va se déplacer dans le sens direct
- B. **Vrai** : ΔH , est négatif donc la réaction est exothermique c'est-à-dire qu'elle dégage de la chaleur. Donc si on diminue la température la réaction va vouloir l'augmenter en se déplaçant dans le sens direct.
- C. **Vrai** : A(g) est un réactif donc si on en ajoute la réaction va vouloir l'éliminer.
- D. **Faux** : L'enceinte est dilatable donc l'ajout de gaz n'entraîne pas de modification de pression. Ainsi l'ajout de gaz n'étant ni réactif ni produit ne modifie rien.
- E. **Vrai** : L'ajout de C(s) ne modifie rien car c'est un solide même si c'est un produit. Par contre l'augmentation de la température va entraîner un déplacement dans le sens indirect car la réaction va vouloir s'opposer à cette augmentation en produisant moins de chaleur.

Question 5 : Aucune réponse juste (ERRATA du Professeur Terreux ?) :

F \rightarrow Z=9 \rightarrow 7 électrons de valence

B \rightarrow Z=5 \rightarrow 3 électrons de valence

On doit donc avoir 10 électrons au total, c'est le cas pour tous les diagrammes donc on ne peut rien éliminer.

Entre le 2s de F (-37,2eV) et le 2s de B (-12,9eV) il y a plus de 10eV on a pas d'orbitales possible et le 2s de F va former une orbitale non liante \rightarrow **A et B Faux**

Entre le 2s de B (-12,9eV) et le 2pz de F (-17,4 eV) il y a moins de 10eV donc une hybridation sp est possible \rightarrow **E Faux**

L'orbitale 2pz de F étant déjà utilisé il ne peut pas y avoir d'orbitale pz-pz entre B et F \rightarrow **D Faux**

Il ne reste donc plus que la réponse C :

Les orbitales px-px et py-py (c'est à dire les orbitales π) sont tout à fait juste cependant l'orbitale pz non liante devrait correspondre à l'orbitale pz de B et non de F \rightarrow **C Faux**

Question 6 : CD

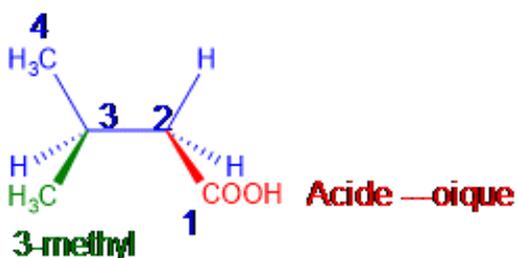
Attention, il faut répondre à cette question avec le vrai diagramme de BF c'est-à-dire celui que j'ai décrit dans la question précédente.

Ordre de liaison = $(6(\text{OM liantes}) - 0(\text{OM antiliantes}))/2 = 3$ donc **C Vrai**

Il n'y a pas d'électron célibataire donc Diamagnétique \rightarrow **D Vrai**

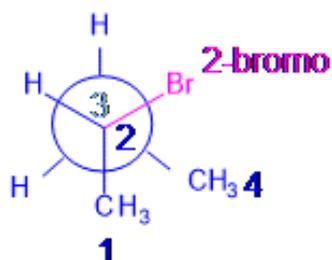
Question 7 : BC

- A. **Faux** : La fonction aldéhyde est prioritaire à la fonction alcool.
- B. **Vrai** : On numérote par ordre de priorité les groupements du C* : 1 pour OH, 2 pour le C au deuxième plan, 3 pour CH₃ et 4 pour H. Notre priorité 4 est dans le plan donc on l'échange avec 2 qui est en arrière. 1, 2, 3 tourne alors dans le sens inverse des aiguilles d'une montre ce qui donne une configuration S. Mais puisque on a échangé 2 groupements on inverse la configuration absolue. **Notre carbone est de configuration absolue R.**
- C. **Vrai** : Les 2 molécules ont comme formule brute C₅H₁₀O₂ mais elles n'ont pas la même formule développée. **Elles sont donc isomères de constitution.**
- D. **Faux** : 2 et 3 sont la **même molécule.**
- E. **Faux** : C'est le **Acide 3-méthylbutanoïque** :



Question 8 : BDE

- A. **Faux** : 1 et 2 ont la même formule développée.
- B. **Vrai** : Br porte la priorité 1, le C de devant porte la 2, CH₃ la 3 et H la 4. Notre priorité 4 est dans le plan. Ici, on l'échange avec notre priorité 2 qui est devant. On trouve 1, 2, 3 qui tourne dans le sens des aiguilles d'une montre donc la configuration R. Ici on regarde dans l'axe 4 → C* ce qui inverse la configuration mais on a aussi échangé 2 groupements ce qui inverse encore la configuration. Donc on garde notre configuration R.
Astuce : Quand la priorité 4 est dans le plan, on peut l'échanger avec le groupement qui est vers l'avant comme ça on n'a pas besoin d'inverser la configuration trouvée.
- C. **Faux** : Ces deux molécules n'ont qu'un C* elles ne peuvent donc pas faire partie d'un couple de diastéréoisomères. De plus ici, on trouve que ces deux molécules ont leur C* de configuration R. 1 et 2 sont donc la même molécule.
- D. **Vrai** : Puisque elles sont la même molécule.
- E. **Vrai**

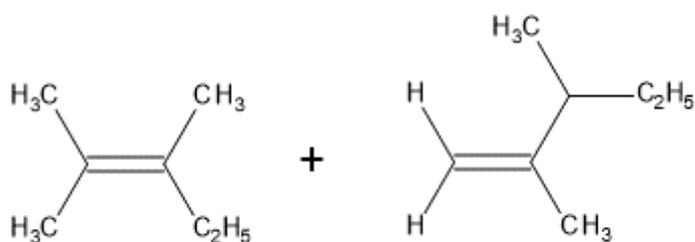


Question 9 : ABCE

- A. **Vrai** : Nos 2 C* sont bien de configuration R.
- B. **Vrai** : On peut savoir ça sans chercher les configurations absolue des C*. En effet ici on voit que les 2 C* sont images l'un de l'autre dans un miroir. Ils sont donc de configuration opposée. *Pour information : le C* du haut est R, celui du bas est S.*
- C. **Vrai** : Ces 2 molécules ont la même formule développée mais 1 est RR et 2 est RS. **Elles sont donc diastéréoisomères.**
- D. **Faux** : 1 et 3 sont exactement la même molécule avec la même configuration.
- E. **Vrai** : Ils ont 2 C* et ne sont pas méso donc ils sont chiraux. *A noter : 2 n'est pas chiral car c'est un composé méso.*

Question 10 : ADE

- A. **Vrai** : Le C à gauche porte la priorité 1, C₂H₅ la priorité 2, CH₃ la 3 et H la 4. On échange 2 et 4 et on obtient 1, 2, 3 qui tourne dans le sens des aiguilles d'une montre. On inverse. **Notre C* est de configuration absolue S.**
- B. **Faux** : Seul des alcools primaires subissent le mécanisme E2.
- C. **Faux** : L et M sont les composés suivants :



Ils ont chacun une double liaison C=C mais celle-ci n'est pas stéréogène dans les 2 composés.

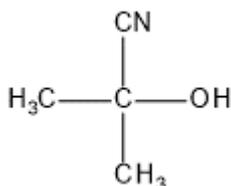
- D. **Vrai** : **Voir les molécules item C.** Elles ont la même formule brute : C₇H₁₄ mais pas la même formule développée.
- E. **Vrai** : **Molécule de gauche (item C).**

Question 11 : BE

- A. **Faux** : Elle faut appel aux **propriétés nucléophiles de F** (le N est nucléophile, il porte un doublet non liant) et aux propriétés électrophiles de G.
- B. **Vrai** : Un des C voisins du C portant la double liaison =O porte au moins un H.
- C. **Faux** : La réaction d'une amine primaire (F) et d'une cétone (G) forme **une imine (H)**.
- D. **Faux** : La réduction d'une imine par H₂, Raney conduit à une **amine secondaire**.
- E. **Vrai**

Question 12 : C

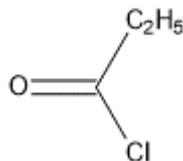
- A. **Faux** : C'est une réaction d'**addition nucléophile**.
- B. **Faux** : La réaction d'une cétone avec KCN conduit à la formation d'un C* qui peut être de configuration absolue R ou S. Mais dans ce cas, notre cétone 1 a déjà un C* de configuration absolue R. Ainsi nos 2 produits seront un composé RR et l'autre RS. Ce seront un couple de cyanhydrines **diastéréoisomères** donc pas un mélange racémique.
- C. **Vrai** : Il est δ⁺.
- D. **Faux** : Certes, la cétone 2 n'est pas énolisable mais ça ne veut pas dire qu'elle ne peut pas réagir avec KCN. **Toutes les cétones et tous les aldéhydes peuvent réagir avec KCN.**
- E. **Faux** : La réaction de 3 avec KCN conduit au composé suivant :



Cette cyanhydrines ne possède même pas de carbone asymétrique.

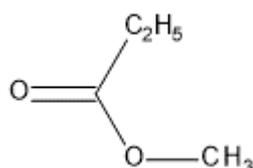
Question 13 : D

- A. **Faux** : La réaction d'un acide carboxylique avec SOCl₂ conduit à la formation d'un **chlorure d'acide (P)**.
- B. **Faux** : Le chlorure d'acide obtenu est le suivant :



Il n'a pas de carbone asymétrique.

- C. **Faux** : La réaction d'un chlorure d'acide (P) avec un alcool forme un ester (Q).
- D. **Vrai** : Le O de la fonction alcool de CH₃OH est nucléophile puisqu'il porte 2 doublets non liants.
- E. **Faux** : Comme dit dans l'item C, Q est un ester. C'est l'ester suivant :



Question 14 : ADE

- A. **Vrai** : Homopolymère de Glucose = Que des molécules de glucose.
- B. **Faux** : Il est digéré par les α -glucosidases de l'intestin.
- C. **Faux** : Glycogène est principalement présent dans les cellules animales (végétales = amidon)
- D. **Vrai** : L'amidon est constitué de liaisons de type α 1-4 et de ramification de type α 1-6.
- E. **Vrai** : Cf D.

Question 15 : CE

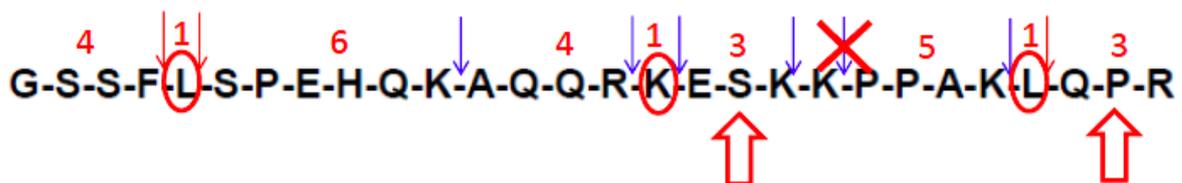
- A. **Faux** : Ribose possède 5C.
- B. **Faux** :
- C. **Vrai** : Le fucose est un désoxyose provenant de la réduction du C6 du galactose.
- D. **Faux** : Le glucose possède un fonction aldéhyde.
- E. **Vrai** : Oxydation en C6 = suffixe « uronique ». Donc Mannose = Mannuronique.

Question 16 : CDE

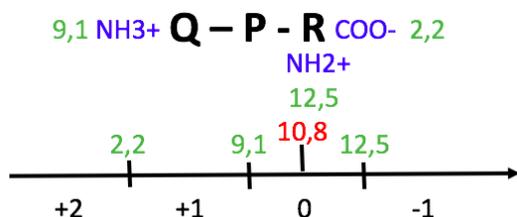
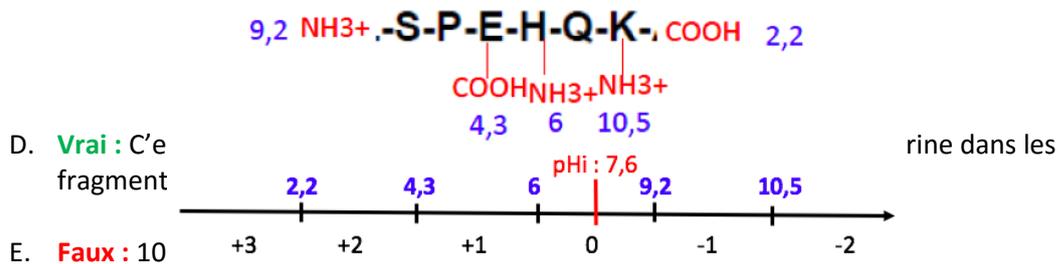
- A. **Faux** : Le lévulose est bien la forme lévogyre du fructose mais il n'est pas abondant dans les GAG. GAG = répétition de : Glc ou Gal + Acide iduronique ou uronique.
- B. **Faux** : GAG = répétition de : Hexosamine + Acide iduronique ou uronique.
- C. **Vrai** : Glucosamine, galactosamine.
- D. **Vrai** : PG = GAG + Protéine, liés par O-glycosylation.
- E. **Vrai** : Très présent dans la MEC du cartilage.

Question 17 : ACD

On digère notre peptide à la trypsine et à la chymotrypsine en conditions non standards. La chymotrypsine coupera donc après L, I, M, W, F et Y, tandis que la trypsine coupera après R et K. On a donc :



- A. **Vrai** : Les 3 AA sont L, K et L.
- B. **Faux** : Le tripeptide est ESK. L'hydrolyse acide permettra de couper toutes les liaisons peptidiques et donc de libérer 3 AA. 2 à chaînes ionisables. On réalise à présent un chromatographie échangeuse d'anions (SO₃⁻) qui retient donc les AA positifs ; on utilise ici un gradient de pH croissant. Les AA seront élués dès qu'ils seront neutres. Les pHi des AA sont 3,25 pour l'acide glutamique, (il sera élué à 5,5), 5,7 pour la sérine (elle ne sera pas éluée à pH 5,5), et 9,85 pour la lysine (non éluée).
- C. **Vrai** : SPEHQQ est bien neutre à pH 8.



Question 18 : CD

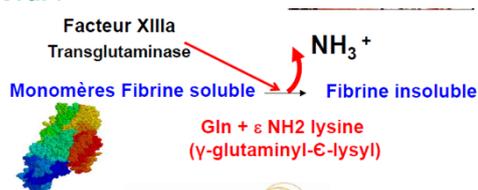
- A. **Faux**
- B. **Faux** : C'est la ghréline non acylée qui apparaît un jeûn prolongé.
- C. **Vrai** : C'est la glutamine.
- D. **Vrai** : Le tripeptide est ESK, et E peut se cycliser sur lui même comme dans la TRH.
- E. **Faux** : Le lyraglutide est un agoniste des GLP1, qui possède une activité hypoglycémisante.

Question 19 : DE

- A. **Faux** : La tunicamycine est un inhibiteur de la N-glycosylation.
- B. **Faux** : Pas l'Alanine, ni l'asparagine.
- C. **Faux** : La pyrrolysine possède une amine primaire, donc elle réagit totalement à la ninhydrine.
- D. **Vrai**
- E. **Vrai** : C'est la phénylcétonurie : trop de Phe et déficit de Tyr : déficit en DOPA, en mélanine et catécholamines.

Question 20 : ACE

- A. **Vrai** :



- B. **Faux** : Les enzymes peuvent également jouer sur l'ordre des AA.
- C. **Vrai** : L'insuline permet de stocker les sucres et les acides gras donc inhibe la lipolyse.
- D. **Faux** : C'est l'inverse ! Le muté possède l'acide glutamique et stimule plus de cellules que le non muté qui possède une Valine. La mutation est V600E et non E600V.
- E. **Vrai** : TRH

Question 21 : AD

- A. **Vrai** : C'est l'acide arachidonique.
- B. **Faux**
- C. **Faux** : Myristoylation.
- D. **Vrai**
- E. **Faux** : On a un excès de cette molécule de sphingomyéline par déficit en sphingomyélinase.

Question 22 : C

- A. **Faux** : Octanoïque = 8C, butanoïque = 4C. le point de fusion augmente avec le nombre de C donc le point de fusion de l'octanoïque est plus élevé que celui du propanoïque.
- B. **Faux** : C'est le bêta-carotène qui est précurseur du rétinol (vitamine A).
- C. **Vrai** : HPLC : Tr augmente avec C mais diminue avec le Nombre d'insaturation. Acide linoléique 18:2 et acide linoléique 18:3 donc le Tr de l'acide linoléique est supérieur.
- D. **Faux** : La saponification d'un glycérol n'est pas une réaction stochiométrique.
- E. **Faux** : C'est un cardiolipine nommé : 1,2-diacyl-sn-glycéro-3-phospho-phosphatidyl glycérol.

Question 23 : E

- A. **Faux** : Cela forme un diacylglycérol et de l'inositol TRI-phosphate.
- B. **Faux** : La lipase pancréatique libère 2 AG et un monoacylglycérol.
- C. **Faux** : L'appareil de golgi est un transporteur de protéines.
- D. **Faux** : LDL migrent vers les tissus périphériques.
- E. **Vrai**

Question 24 AD

- A. **Vrai** : Le K_m correspond à la concentration nécessaire de substrat pour avoir $V = V_{max}/2$ et a donc l'unité d'une concentration soit des mM. L'abscisse de la courbe correspond à $-1/[S]$ donc à une unité correspondant à l'inverse d'une concentration soit $[-1/[S]] = \text{mM}^{-1}$.
- B. **Faux** : Les valeurs de l'ordonnée sont exprimées en min/nmol^{-1} car elles correspondent à $1/V$, la vitesse correspondant au nombre de nmol formé par minute soit des nmol/min^{-1} .
- C. **Faux** : L'affinité d'une enzyme pour son substrat est inversement proportionnelle à son K_m . Ainsi plus le K_m est grand (éloigné de 0), plus l'affinité est faible. Si on prend $-1/K_m$, plus $1/K_m$ est proche de 0 plus l'affinité est donc faible. Plus le $-1/K_m$ de du substrat sera négatif, plus son affinité sera grande. Donc le substrat B a un $-1/K_m$ moins négatif que le substrat A, donc l'enzyme a plus d'affinité pour le substrat A que pour le substrat B.
- D. **Vrai** : On regarde en quel point la courbe croise l'axe des ordonnées. Pour le substrat A, elle la rencontre en -1, donc $-1/K_m = -1$, donc $K_m = 1$.
- E. **Faux** : On applique la même méthode que tout à l'heure. La courbe croise l'axe des abscisses en -0,5 donc $K_m = 2$.

Question 25 ABE

- A- **Vrai** : Le NADPH est un coenzyme, ce n'est pas lui que l'on étudie, Il ne doit donc pas gêner la réaction et ne pas être un facteur limitant, il doit donc être en concentration saturante et constante pour pouvoir déterminer le K_m . De plus, il est dit dans l'énoncé que sa concentration est maximale.
- B- **Vrai**

- C- **Faux** : Le NADPH est un cofacteur, c'est-à-dire qu'il ne reste pas lié à l'enzyme pendant la réaction.
- D- **Faux** : Voies anaboliques.
- E- **Vrai** : On a vu à la question précédente que le K_m de l'enzyme A était de 1 et que le K_m de l'enzyme B était égal à 2. De plus, on a dit que le K_m correspondait à la concentration nécessaire de substrat pour avoir $V=V_{max}/2$. Donc si on a une concentration en substrat inférieure à 1 mM, elle sera donc inférieure aux deux K_m donc la vitesse de la réaction est forcément $< V_{max}/2$.

Question 26 : AD

- A- **Vrai**
- B- **Faux** : Attention les substrats n'ont pas de site actif, c'est l'enzyme qui en a un.
- C- **Faux** : Le K_m n'est pas égal à la moitié de la V_{max} , ils ont des dimensions totalement différentes. K_m correspond à la concentration nécessaire de substrat pour avoir $V=V_{max}/2$.
- D- **Vrai** : La constante de Michaelis correspond au K_m , si l'on ajoute un inhibiteur compétitif, elle sera donc augmentée.
- E- **Faux**

Question 27 : A

- A- **Vrai**
- B- **Faux** : Demi-vie très courte donc absence d'accumulation de l'ATP → 30 minutes.
- C- **Faux** : D'autres composés donnent de l'énergie, comme le phosphoénolpyruvate, le Glucose 6-P,...
- D- **Faux** : Au cours de la réaction de glycolyse, un grand nombre d'ATP est formé, et cette réaction est intra-cytoplasmique.
- E- **Faux** : L'ATP n'est pas un réservoir d'énergie car il ne peut pas être stocké, c'est un donneur immédiat d'énergie, il a de plus beaucoup d'autres rôles comme la signalisation cellulaire, régulation, ADN, ...

Question 28 : ABCD

- A- **Vrai**
- B- **Vrai** : Dans le cadre de la néoglucogenèse, le pyruvate produit dans les tissus musculaires par la glycolyse est transformé en alanine pour être transporté par le foie, puis est retransformé en pyruvate une fois arrivé.

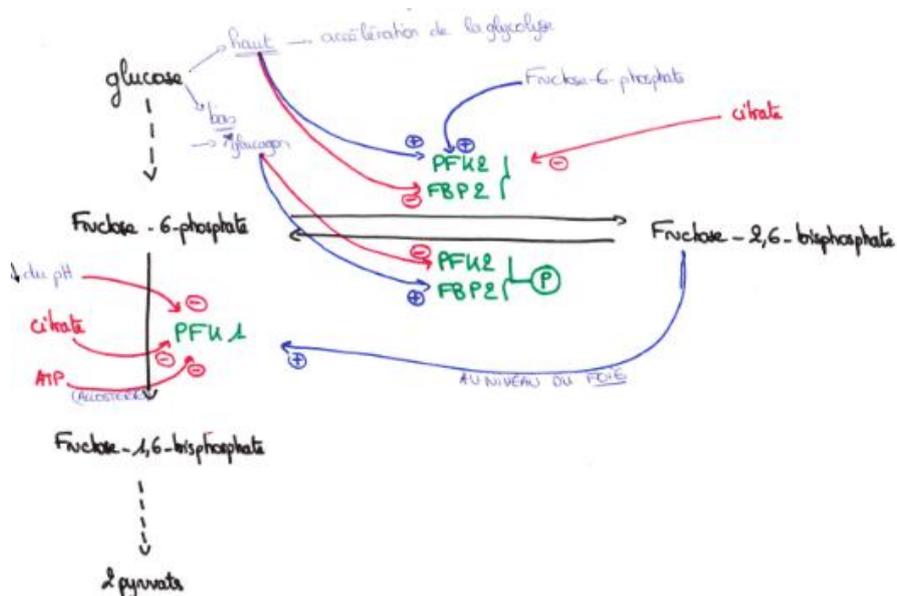
- C- **Vrai** : L'alanine est un AA glucoformateur.
- D- **Vrai** : Le glycogène est la forme de stockage du glucose et peut être déstocké en cas de besoin pour fournir du glucose.
- E- **Faux** : Les corps cétoniques ne donnent jamais de glucose.

Question 29 : BDE

- A- **Faux** : Il y'a toujours une dépense énergétique pour faire fonctionner cœur et cerveau.
- B- **Vrai** : le glycogène hépatique est la première réserve d'énergie à être mobilisée.
- C- **Faux** : Le glycogène musculaire est utilisé en même temps que le glycogène hépatique en cas d'effort musculaire.
- D- **Vrai** : le cycle de Krebs ne fonctionne plus, on passe alors par la voie des corps cétoniques.
- E- **Vrai**

Question 30 : ACD

- A- **Vrai** : Phrase du cours
- B- **Faux**
- C- **Vrai** : Phrase du cours.
- D- **Vrai** : Elle est inhibée par chute du pH donc par excès de protons H+.
- E- **Faux** : Le glucagon est une hormone hyperglycémiant et inhibe donc la dégradation du glucose.



Question 31 : ABCE

- A- **Vrai**
- B- **Vrai** : (attention, sauf si l'acétylCoA provient de la b-oxydation des acides gras).
- C- **Vrai**
- D- **Faux** : L'acétylCoA ne peut pas redonner du glucose, donc pas de glycogène non plus. Il va conduire à la formation de lipides par la lipogenèse.
- E- **Vrai**

Question 32 : ABCDE

- A- **Vrai**
- A. **Vrai**
- B- **Vrai**
- C- **Vrai**
- D- **Vrai**

Question 33 : ABCD

- A. **Vrai** : Une mutation toutes les 10^9 paires de bases à chaque cycle de réplication soit 3 mutations sur l'ensemble du génome
- B. **Vrai**: Il s'agit aussi de la survie à long terme (ambigu)
- C. **Vrai** : On dit qu'elle est semie-conservative car ADN nouvellement formée est constituée d'un brin parental et d'un brin néoformé, et on dit qu'elle est discontinue sur un des deux brins car sur un des deux brins la polymérisation se fait dans le sens opposé, on parle de brin « retardé »
- D. **Vrai** : Il s'agit de la 2^{ème} activité de l'ADN polymérase, l'activité dite exonucléasique qui va augmenter la fidélité de la réplication.
- E. **Faux** : Tout l'item est vrai sauf le sens, il s'agit en effet du sens 3' vers 5'.

Question 34 : CE

- A. **Faux** : Les ARNr sont maturés par ablation des espaceurs intra-géniques (on ne parle pas d'épissage, ce terme est consacré aux ARNm)
- B. **Faux** : Ils possèdent bien un site accepteur d'épissage, mais ce site est « AG », c'est le site donneur qui est « GU ».
- C. **Vrai** : On parle de maturation différentielle des ARNm.
L'épissage alternatif correspond au fait que lors de l'épissage, on peut sauter un exon et il peut exister plusieurs sites de polyadénylation donc plusieurs terminaisons possibles selon le contexte cellulaire ce qui va générer plusieurs ARNm matures à partir d'un seul gène.
- D. **Faux** : Les ARNsno interviennent dans la maturation des ARNr (ribosomiques).

- E. **Vrai** : Les microARN vont réguler l'expression des gènes soit en dégradant les ARNm cibles ou en bloquant leur traduction.

Question 35 : ADE

- A. **Vrai** : Le spliceosome est composé de cinq particules ribonucléoprotéiques, appelées snRNP (U1, U2, U3, U4, U5) et vont intervenir lors de l'épissage pour enlever les introns (en lasso)
- B. **Faux** : Il est composé de protéines et d'ARNsn et non d'ARNsno
- C. **Faux** : Il produira pas toujours le même ARNm mature, en effet on parle de maturation différentielle due à l'épissage alternatif et aux plusieurs signaux de polyadénylation qui vont pouvoir donner à partir d'un même préARNm plusieurs ARNm matures différents.
- D. **Vrai** : Comme le U1 va reconnaître le site donneur GU, et le U5 le site accepteur AG.
- E. **Vrai** : C'est du cours !

Question 36 : ABDE

- A. **Vrai** : C'est du cours !
- B. **Vrai** : En effet chez les eucaryotes, c'est rare qu'il s'agisse du 2^{ème} ou 3^{ème}, c'est bien dans 90% des cas le premier qui va se situer dans la séquence de Kozak.
- C. **Faux** : La petite sous unité du ribosome est recrutée par la coiffe et c'est la grande sous unité qui va être recrutée par le codon start AUG et se coller à la petite sous unité déjà présente.
- D. **Vrai** : Contrairement à chez les eucaryotes où n'importe quel codon AUG (que ce soit le codon start ou n'importe quel codon AUG en phase de lecture avec le codon start).
- E. **Vrai** : L'ARNt initiateur portant la méthionine possédera l'anticodon UAC complémentaire et antiparallèle au codon start AUG.

Question 37 : BCD

- A. **Faux** : Elle commence environ 25 nucléotides APRES la boîte TATA puisque la boîte TATA se situe dans la région promotrice.
- B. **Vrai** : L'ARN pol II va avancer sur le brin d'ADN génomique dans le sens 3' vers 5'.
- C. **Vrai** : Il s'agit du site de polyadénylation TTATT.
- D. **Vrai** : C'est la définition.
- E. **Faux** : La queue n'est pas codée par l'ADN matrice mais créée par la polyadénylate polymérase.

Problème

Les réponses du problème sont les réponses OFFICIELLES données par le professeur Morel en amphi. Les explications sont celles des tuteurs

Avant de démarrer le problème, regardez toujours à quoi correspondent les séquences que l'on vous donne. Ici la séquence 1 est une séquence génomique, c'est-à-dire qu'elle correspond à la séquence d'ADN du gène de la protéine CYP11B1.

La séquence 2 est l'ADNc et correspond donc à la partie du gène qui est transcrite et épissée. Il n'y a que des exons.

Question 38 : DE

La seule certitude que l'on a est que le début de la transcription sera en amont du début de la traduction. Le début de la traduction est au nucléotide 2008. Donc le début de la transcription sera en amont du nt 2008 et donc aussi en amont des nt 2010 et 2014.

Question 39 : E

Pour localiser le début de la transcription il existe différentes méthodes :

- 1) **Comparer l'ADN génomique et l'ADN complémentaire.** L'ADNg est obtenu à partir d'une prise de sang et plus précisément à partir des leucocytes. L'ADNc est obtenu par rétro-transcription à partir d'ARN messager que l'on a extrait du tissu où il s'exprime (tissu surrénalien).
- 2) **Le S1 mapping.** Dans ce cas on a besoin de l'ARN messager (extrait comme précédemment). On hybride ensuite cet ARNm avec des sondes d'ADN englobant début du premier exon et la partie en amont du +1 de la traduction (ATG). Là où il y aura hybridation, on aura formation d'une structure double brin qui ne sera pas dégradée par la nucléase S1 (qui coupe tout ce qui est simple brin). En étudiant la taille des fragments double brin obtenus on est capable de déterminer le début de la transcription.
- 3) **Utilisation d'une amorce.** A partir d'ARN messager ou d'ADN complémentaire, on ajoute une amorce complémentaire et anti parallèle au début de l'exon 1 puis on ajoute une polymérase (la RT dans le cas d'un ARN messager) qui va polymériser dans le sens 5' → 3' jusqu'à l'extrémité 5' du fragment de départ (ce qui correspond au début de la transcription). Les fragments d'ADN obtenus sont amplifiés par PCR (avec la Taq Polymérase) puis séquencés.

Pour la question 39 nous avons quelques doutes sur les attentes du professeur Morel.

La 1^{ère} méthode nous inciterait à cocher les réponses A et E cependant la question 40 précise qu'il s'agit de la 3^{ème} méthode donc nous mettrons uniquement la réponse E.

Nous pouvons affirmer que les réponses BCD sont fausses.

Question 40 : D

La description de la méthode par l'énoncé nous permet d'éliminer le S1 mapping qui n'utilise pas d'amorces. On est dans la 3^{ème} méthode décrite ci-dessus → **A Faux**

On cherche une amorce complémentaire et antiparallèle aux nucléotides 2075 à 2082 de la séquence.

Sur la séquence je lis : 5' CACTGGGCACG 3'

Je cherche donc une amorce qui contient CGTGCCAGTG → **D Vrai**

La Taq polymérase est utilisée pour amplifier par PCR. C'est donc une ADN polymérase ADN dépendante → **E Faux**

Question 41 : D

Le transcrit primaire correspond à l'ARN pré-messager. Il possède donc des introns (car il n'est pas encore épissé) et se lit sur la séquence 1 entre le début de la transcription et la fin de la transcription.

-Recherche du début de la transcription :

Le fragment obtenu par la question 40 est de 85 nucléotides, il nous suffit donc de regarder 85 nucléotides en amont de l'amorce pour trouver le début de la transcription.

Le premier nucléotide de l'amorce en 5' est une cytosine et elle est complémentaire au la guanine 2085 de la séquence d'ADNc. Le début de la transcription correspond donc au nucléotide $2085-85=2000$.

-Recherche de la fin de la transcription :

L'ADNc (séquence2) se termine par CAAGAA. On cherche ce CAAGAA dans l'ADNg (séquence1) et il se trouve au nucléotide **9464**

-Donc le transcrit primaire possède $9464-2000=7464$ nt

Question 42 : ADE (question non corrigée en amphi → officieux)

- A. **Vrai** : Le nucléotide 2008 correspond au A de l'ATG
- B. **Faux** : Le gène contient 9 exons
- C. **Faux** : Le site accepteur situé à la fin de l'intron 2 est TAG (nucléotides 4596 à 4598)
- D. **Vrai** : La séquence 2 permet de dire que l'ARNm code pour une protéine de 503 acides aminés. Il est précisé « avant d'être mitochondriale » car une fois arrivé dans la mitochondrie (le lieu de son action) la protéine subit des modifications (perte de son étiquette d'adressage mitochondriale... cf cours d'UE2)
- E. **Vrai** : Le nucléotide 9464 correspond à la fin de la transcription donc effectivement après ce nucléotide on trouve une queue poly A sur l'ARNm mature.

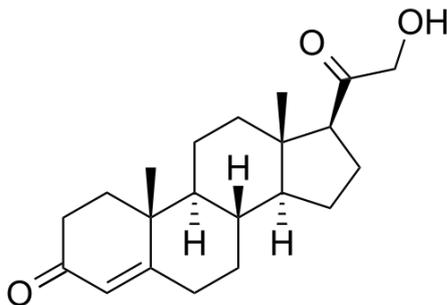
Question 43 : ABCD

- A. **Vrai** : Son précurseur est la proopiomélanocortine (POMC)
- B. **Vrai** : C'est un récepteur couplé à la prot G
- C. **Vrai** : L'activation de son récepteur membranaire entraîne l'activation de l'adénylatecyclase qui fabrique du cAMP
- D. **Vrai** : En effet le cAMP va permettre la libération de la sous unité catalytique de la PKA et se liant à la sous unité régulatrice et cette sous unité catalytique libérée va phosphoryler et donc activer CREBP qui est un facteur de transcription à domaine leucine zipper.
- E. **Faux** : CREBP est un facteur de transcription mais pas l'ACTH

Question 44 : ACD

- A. **Vrai** : La boîte tata est une séquence qui se situe 25/30nt avant le début de la transcription. Ici on observe au alentour du nt 1970 un motif ATAAAA. Normalement le motif typique d'une boîte Tata est TATAAT et même si ici elle est un peu différente le professeur Morel a considéré que vous pouviez la trouver. La séquence de l'item (situé au nt 1930 est donc bien en amont d'une boîte TATA)
- B. **Faux** : SF1 est un récepteur nucléaire il possède donc deux doigt de zinc or on nous dit que la prot qui se lie ici possède un motif leucine zipper (il s'agit en réalité de CREBP)
- C. **Vrai** : En électrophorèse, plus c'est lourd moins ça migre. Les anti corps vont se lier sur CREBP et CREBP va se lier sur cette séquence spé donc le tout va être retardé
- D. **Vrai** : Une séquence en amont du début de la transcription sur laquelle se lit une protéine à motif leucine zipper (et donc un facteur de transcription) est un sinhancer ou un enhancer. l'ACTH entraîne une stimulation des gène de la stéroïdogénèse on a donc un enhancer
- E. **Faux** : Tout est juste à l'exception du fait que c'est la sous unité catalytique de PKA qui est libérée

Question 45 : AC



Ci dessus le stéroïde DOC

- A. **Vrai** : La double liaison est entre C4 et C5
- B. **Faux** : C'est une fonction cétone en C3
- C. **Vrai**
- D. **Faux** : C'est le cas pour la corticostérone et le cortisol
- E. **Faux** : C'est le cas pour la testostérone et l'oestradiol

Question 46 : ABE

- A. **Vrai** : le contrôle correspond uniquement a du 11-Déoxycortisol qui été déposé sur la ligne de dépôt. Il n'y a pas d'enzymes car le but est simplement de pouvoir comparer les taches que l'on obtient avec et sans enzyme (11desoxycortisol seul). Ainsi on sait que si on a un enzyme totalement défailent avec zéro activité on obtiendra un profil comme la colonne contrôle.
- B. **Vrai** : En effet on n'y a pas d'enzyme donc pas de cortisol, de plus on nous dit que les cellules COS possèdent CYP11B2 donc si c'était du cortisol on verrai au moins un tout petit peu de cortisone comme c'est le cas dans les autres colonnes.
- C. **Faux** : pour les différentes mutations, on a déposé du 11-désoxycortisol sur la ligne de dépôt et on observe si l'enzyme fonctionne ou non. S'il fonctionne alors on aura formation de cortisol comme dans la colonne témoin « CYP11B1 ». Dans le cas de la mutation N140K on observe une formation plus faible de cortisol que pour un cas normal mais quand même plus

que pour les autres mutation (V89E et L132R) donc l'enzyme fonctionne mal mais ce n'est pas la pire des mutations.

- D. **Faux** : On fait migrer des stéroïdes qui sont apolaire donc le solvant est apolaire
- E. **Vrai** : c'est la mutation qui entraine la plus grande formation de cortisol.

Question 47 : ACDE

Pour cet exercice il faut chercher l'acide aminé modifié et le nucléotide muté en pensant bien à partir du A de l'ATG de la séquence2. On regarde ensuite dans le diagramme qui est tout à la fin si la modification de tel nucléotide entraine bien la modification de tel AA. On trouve alors A, C, D, E vrais et B faux car le nucléotide en position 393 en partant de l'ATG n'est pas C mais G.

Question 48 : B

- A. **Faux** : L'asparagine est en effet le seul acide aminé a pouvoir avoir une N-Glycosilation mais ici nous somme face a un enzyme intra cellulaire or les glycosylations ont lieu pour les partie protéiques extra cellulaires
- B. **Vrai** : $(2+8,8)/2=5,4$
- C. **Faux** : seul la sérine la thréonine et la tyrosine peuvent être phosphorylées
- D. **Faux** : sa chaine latérale est non ionisable
- E. **Faux** :sa chaine latérale est non ionisable

Question 49 : BCE

Les mutation les plus sévères sont celle où l'enzyme fonctionne le moins et donc où la tache correspondant au cortisol est la plus faible. On en déduit que les mutation V89E et L132R sont les formes les plus sévères. Vient ensuite la mutation N140K et enfin G267S. La maladie est autosomique récessive donc pour être malade il faut soit être homozygote pour une mutation soit être hétérozygote composite c'est-à-dire avoir deux mutations différente sur chacun des allèles. On déduit de ces explications que les items B,C et E sont vrai et que A et D sont faux.

Question 50 : D

Ce changement de nucléotide se nomme IVS+147 ou IVS-212 donc A, B et C sont faux.

L'énoncé nous dit que ce n'est pas un SNP. Cependant il s'agit quand même d'un polymorphisme biallélique (un seul nt changé) et le fait qu'il ne soit pas détecté dans la population signifie simplement que la fréquence dans la population est trop faible pour être détecté (<1%). Il s'agit donc d'un SNV.

Question 51 : ABE

- A. **Vrai** : Cet outil pourrait effectuer le travail de la question 52 c'est-à-dire donner des prédictions sur ce que peut entrainer ce changement de nucléotide.
- B. **Vrai** : A partir de l'ARN on pourrait avoir l'ADNc et ainsi observé des eventuels problèmes d'épissages par exemple.
- C. **Faux** : L'ADN est le même dans toutes les cellules de l'organisme donc cela n'a aucun sens.

- D. **Faux** : Si on a aucun tissu on ne peut pas isoler l'ADNc à partir de l'ARN. L'item propose donc de partir l'ADNc normal pour obtenir l'ADNc muté mais le problème est que la mutation est intronique et que l'ADNc est composé uniquement d'exon donc impossible de savoir sans l'ARN quel influence aura ce changement nucléotidique.
- E. **Vrai** : Pour cela on peut construire un arbre

Question 52 : ACE (en amphi il a été dit ABE mais nous pensons qu'il s'agit d'une étourderie du Professeur Morel lorsqu'il a indiqué a l'oral les items justes)

Séquence normal : AAACACGTTT

Séquence mutée : AAACAGTTT

- A. **Vrai** : le changement du C en G peut créer un environnement favorable pour que le GT qui suit soit reconnu comme site donneur à la place de celui en position 5581. L'exon 5 serait alors rallongé et on aurait alors un codon stop précocose au nt 5614
- B. **Faux** : le changement de nucléotide est intronique. Mais s'il avait été exonique, sachez que le changement d'un seul AA peut entrainer de grosse perturbation pour l'enzyme si cet AA était impliqué dans le site actif par exemple.
- C. **Vrai** : le changement forme un AG qui peut être reconnu comme site accepteur à la place de celui en position 5941
- D. **Faux** : si création d'un site donneur il n'y a effectivement pas de décalage de lecture car le nombre de nucléotides rajouté à l'exon 6 est divisible par 3. Cependant en position 2615 il y a formation d'un codon stop TGA et la protéine ne sera donc pas plus longue mais plus courte.
- E. **Vrai** : le codon stop crée est en position 5804 (TAG)