



UE2 – ED – BIOCHIMIE 2024-2025

Acides aminés, peptides, protéine,
enzymologie, et lipides

QCM: 12, 14, 29, 33, 61, 105, 106, 116 à 121, 171, 175 et 181

Stéphanie Sentis & Clément Janot

**I-ACIDES
AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 12: Sachant que C a pour valeur de pK: $pK_A = 1,9$; $pK_B = 10,7$ et $pK_R = 8,3$, quelle est sa valeur de pHi ?

A 6,5

B 5,1

C 9,5

D 6,9

E 5,4

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

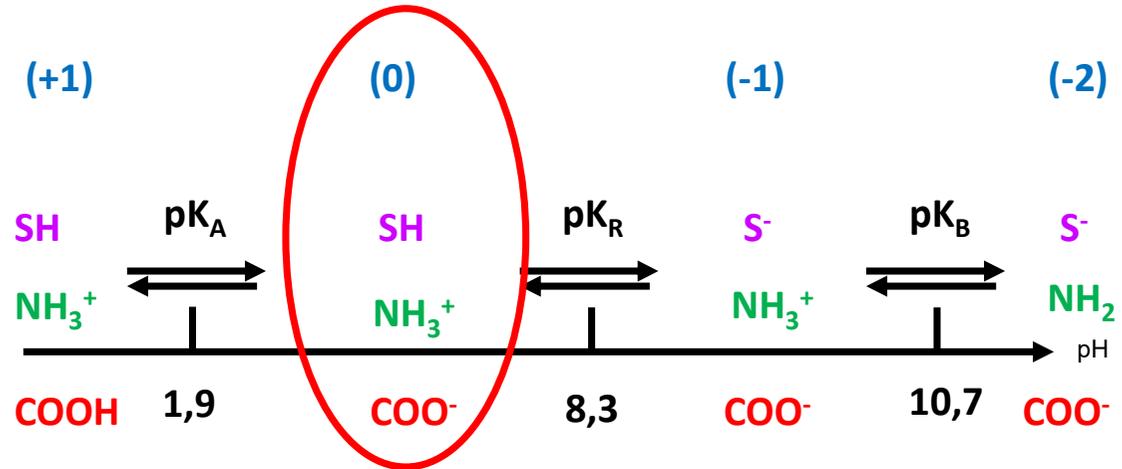
IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 12: Sachant que C a pour valeur de pK: $pK_A = 1,9$; $pK_B = 10,7$ et $pK_R = 8,3$, quelle est sa valeur de pHi ?

- A 6,5
- B 5,1**
- C 9,5
- D 6,9
- E 5,4

Réponse B



pHi = 100 % forme zwitterion (charge globale = 0)

Calcul pHi= demi Σ des 2 pKa qui sont de part et d'autre de la forme zwitterion

$$pHi = (pK_A + pK_R)/2 = (1,9 + 8,3)/2 = 5,1$$

COOH	pK_A	1,9
SH	pK_R	8,3
NH_3^+	pK_B	10,7

**I-ACIDES
AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)
- E A pH physiologique, le groupement α -aminé de D est ionisé

QCM 14: Concernant C et D

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

Calcul pHi= demi Σ des 2 pKa qui sont de part et d'autre de la forme zwitterion

$$pHi(D) = (pK_A + pK_R)/2 = (1,9 + 3,7)/2 = 2,8$$

ELECTROPHORESE

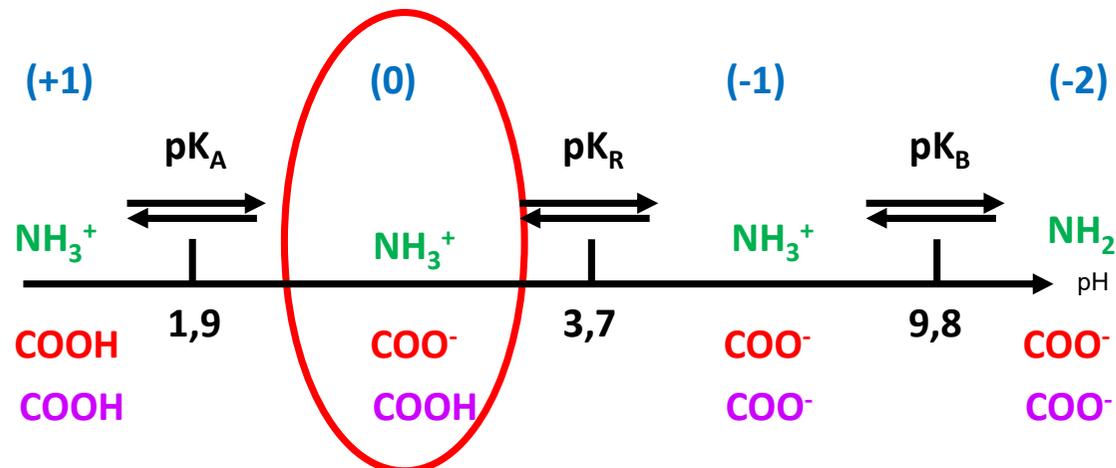
AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- pH = pHi: charge globale AA nulle, aucune migration
- pH > pHi: charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- pH < pHi: charge globale AA positive, migration cathode (borne -)

pH 6 > pHi (D)



D chargé (-) pH 6 → migration anode



**I-ACIDES
AMINES**

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 14: Concernant C et D

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode

pH 4 < pHi C

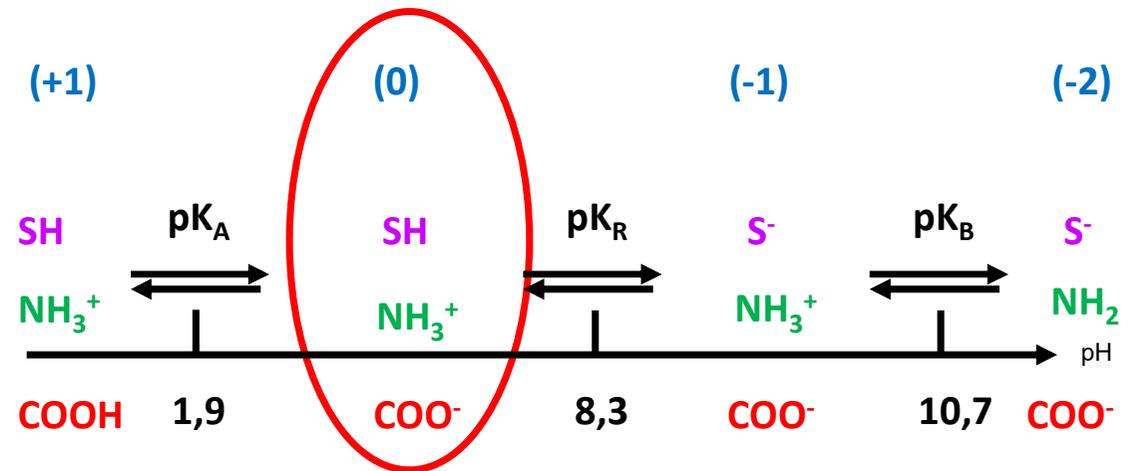


C chargé (+) pH 4



migration cathode

COOH	pK _A	1,9
SH	pK _R	8,3
NH ₃ ⁺	pK _B	10,7



$$\text{pHi (C)} = (\text{pK}_A + \text{pK}_R)/2 = (1,9 + 8,3)/2 = 5,1$$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

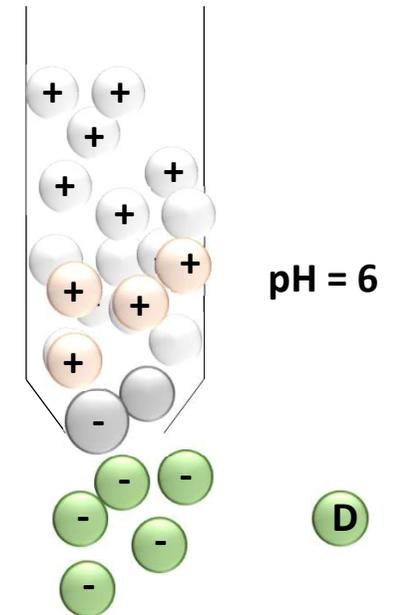
QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6**

Chromatographie échangeuse de cations



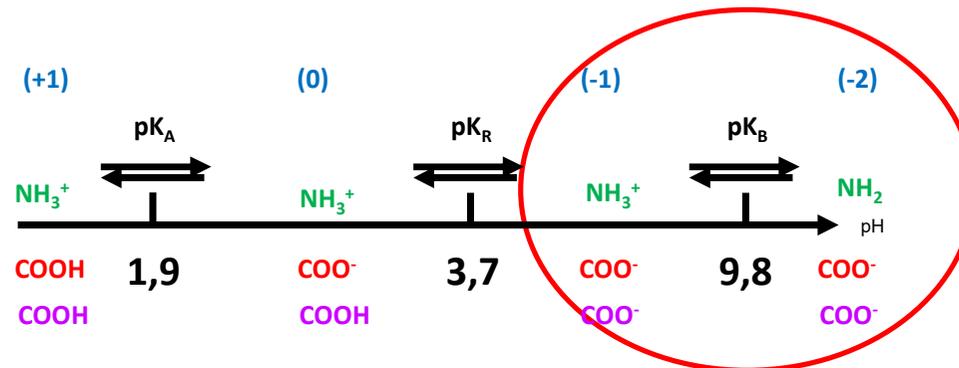
Colonne échangeuse de cations

Colonne: chargée négativement

AA retenus: chargés +



Charge D pH 6 ?



D chargé (-) pH 6

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

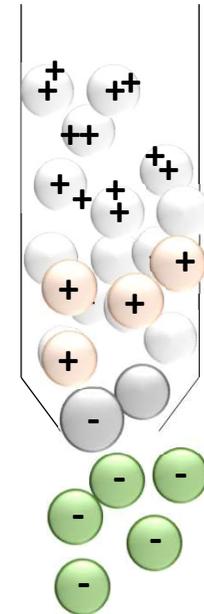
V-LIPIDES

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C **D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6**

**PRINCIPE ELUTION SUR COLONNE
ECHANGEUSE CATIONS ?**

Chromatographie
échangeuse de cations



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

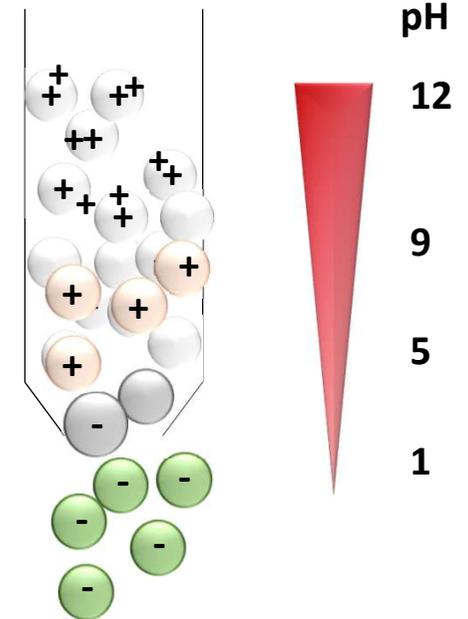
V-LIPIDES



PRINCIPE ELUTION SUR COLONNE ECHANGEUSE CATIONS

- AA retenus: chargés (+)
- Résine: chargée (-)
- Equilibre résine et préparation AA à pH défini → selon charge AA, retenu ou non lors dépôt sur colonne
- Elution avec gradient pH croissant
- Elution AA lorsque $\text{pH} = \text{pHi AA}$ (100% charge (0))
- Ordre élution AA: ordre croissant pHi → (AA acides, neutres puis basiques)

Chromatographie
échangeuse de cations



**C'est l'inverse pour une colonne échangeuse d'ANIONS:
basiques, neutres, puis acides**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

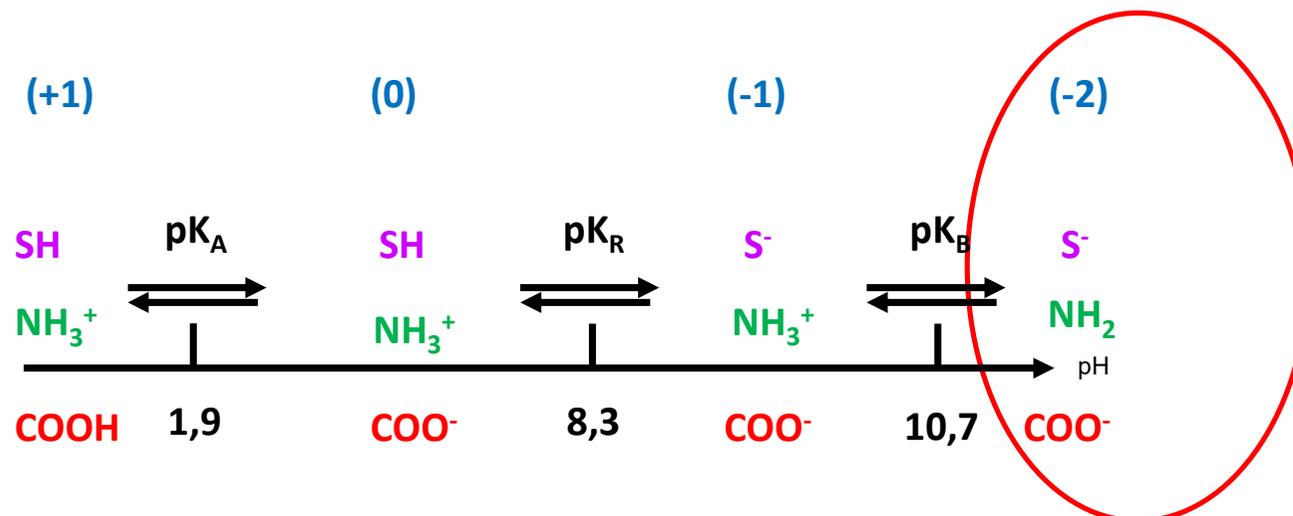
QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A **pH = 12**, **C** a une **charge globale** de (-2)

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)

COOH	pK _A	1,9
SH	pK _R	8,3
NH ₃ ⁺	pK _B	10,7



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

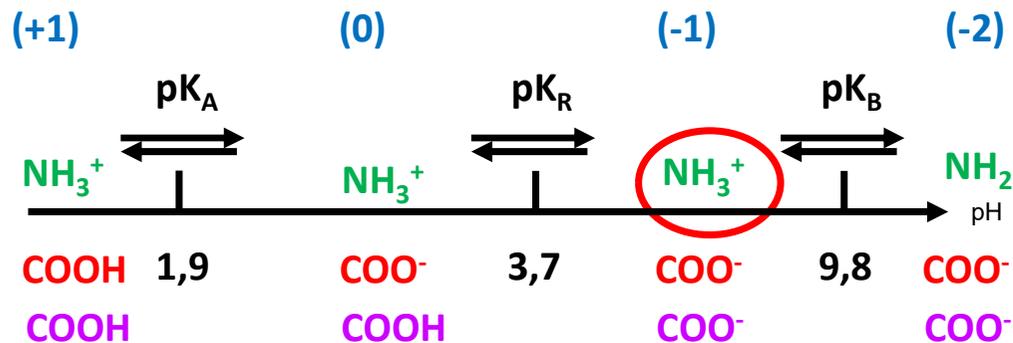
QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)
- E A **pH physiologique**, le groupement α -aminé de D est ionisé

QCM 14: Concernant C et D

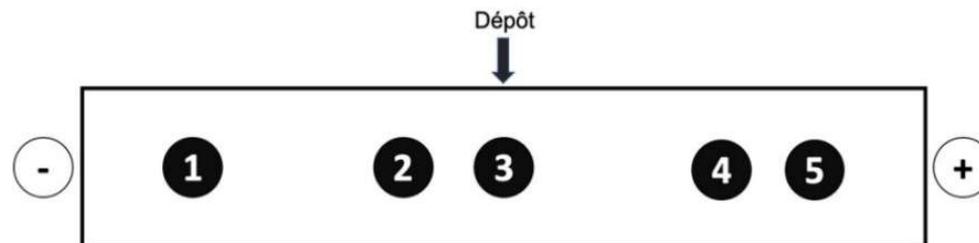
- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)
- E A pH physiologique, le groupement α -aminé de D est ionisé

Réponses A, B, D et E



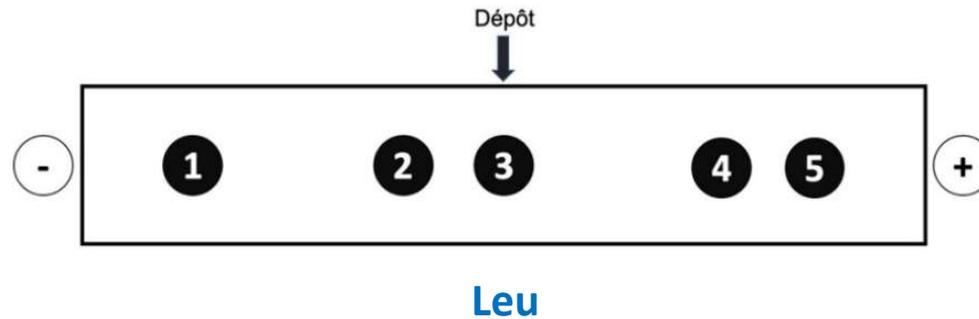
pH physiologique = 7,4

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à pH = 6. Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



- A Le spot 1 correspond à l'acide glutamique
- B Le spot 2 correspond à la leucine
- C Le spot 3 correspond à l'histidine
- D Le spot 4 correspond à l'arginine
- E Le spot 5 correspond à l'acide aspartique

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- pH \approx pHi Leu (5,98) \rightarrow Leu (0) \rightarrow aucune migration



Dépôt

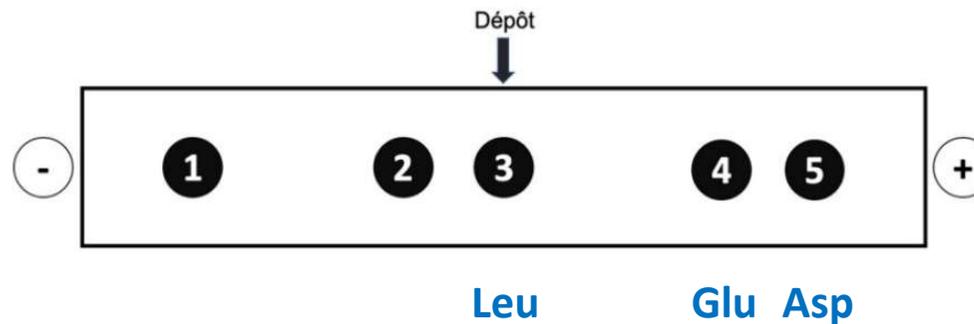
ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- pH = pHi: charge globale AA nulle, aucune migration
- pH > pHi: charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- pH < pHi: charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow$ aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77)} \text{ et } \text{pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-)}$
et $\text{Glu (-)} \rightarrow$ migration vers anode (borne +)

Asp migre le plus loin vers l'anode

4 ou 5 ?



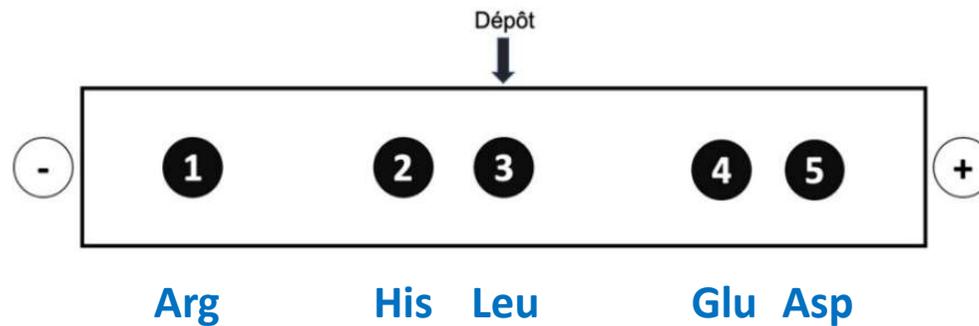
$\text{pHi Asp} < \text{pHi Glu}$



charge (-) Asp > charge (-) Glu



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



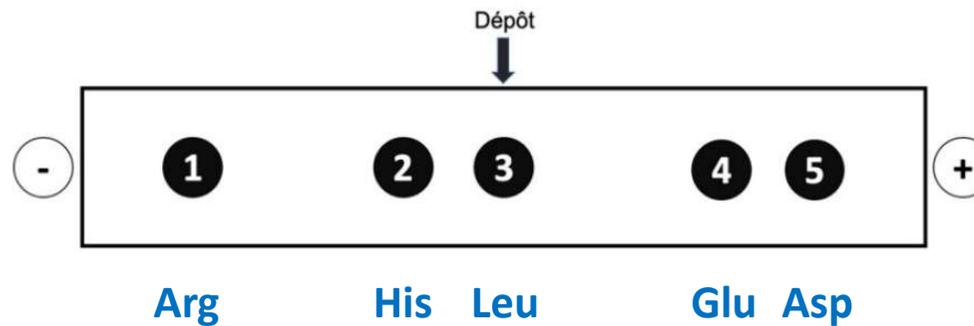
Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow$ aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77)} \text{ et } \text{pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-)}$
et $\text{Glu (-)} \rightarrow$ migration vers anode
- $\text{pH} < \text{pHi His (7,59)} \text{ et } \text{pHi Arg (10,76)} \rightarrow \text{His (+)}$
et $\text{Arg (+)} \rightarrow$ migration vers cathode

Arg migre le plus loin vers la cathode

1 ou 2 ? \rightarrow $\text{pHi Arg} > \text{pHi His}$ \rightarrow Charge (+) Arg > Charge (+) His

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



- A Le spot 1 correspond à l'acide glutamique
- B Le spot 2 correspond à la leucine
- C Le spot 3 correspond à l'histidine
- D Le spot 4 correspond à l'arginine
- E Le spot 5 correspond à l'acide aspartique

Réponse E

QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

- A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique
- B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique
- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5

QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

- A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique
- B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique
- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5

CHARGE NETTE PEPTIDE

- Identification des groupements ionisables
- Association valeurs pK aux groupements ionisables
- Etat ionisation de chaque groupement ionisable au cours variations pH
- Comptabilisation globale des charges

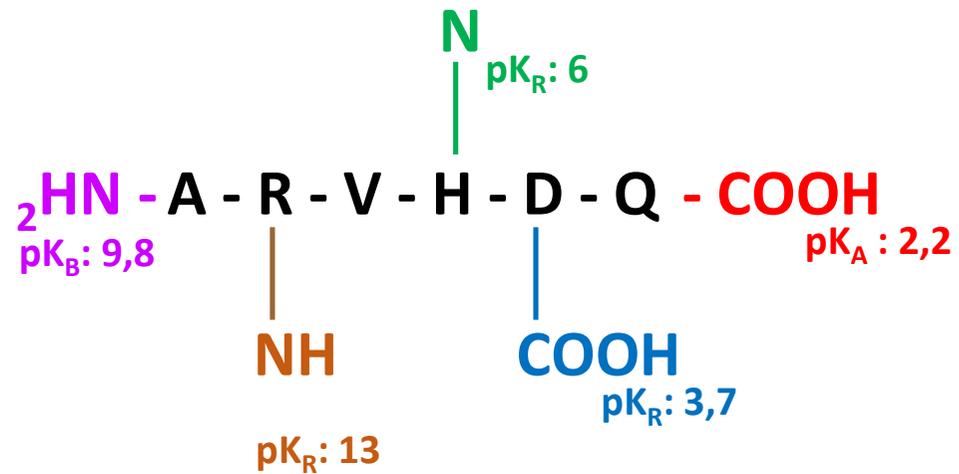
I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES



	pK_A	pK_B	pK_R
A	2,3	9,8	
R	2	9	13
V	2,3	9,8	
H	1,8	9,2	6
D	1,9	9,8	3,7
Q	2,2	9,1	

CHARGE NETTE PEPTIDE

- Identification des groupements ionisables
- Association valeurs pK aux groupements ionisables

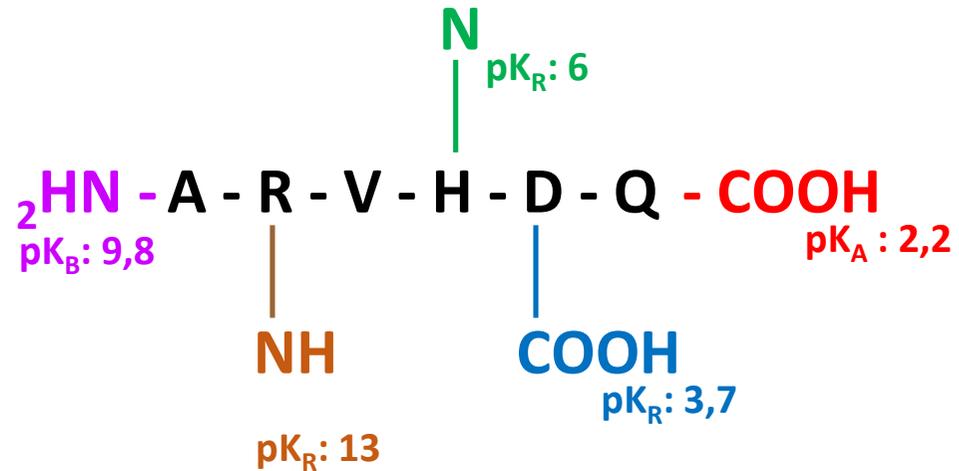
I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES



CHARGE NETTE PEPTIDE

- Identification des groupements ionisables
- Association valeurs pKa aux groupements ionisables
- Etat ionisation de chaque groupement ionisable au cours variations pH

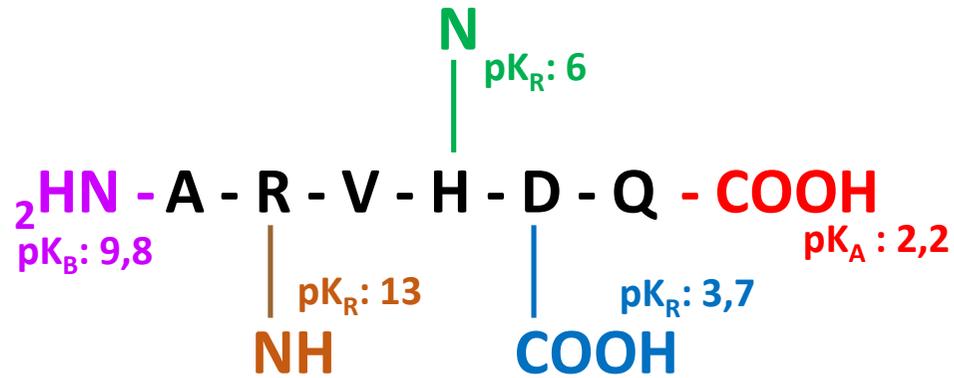
I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

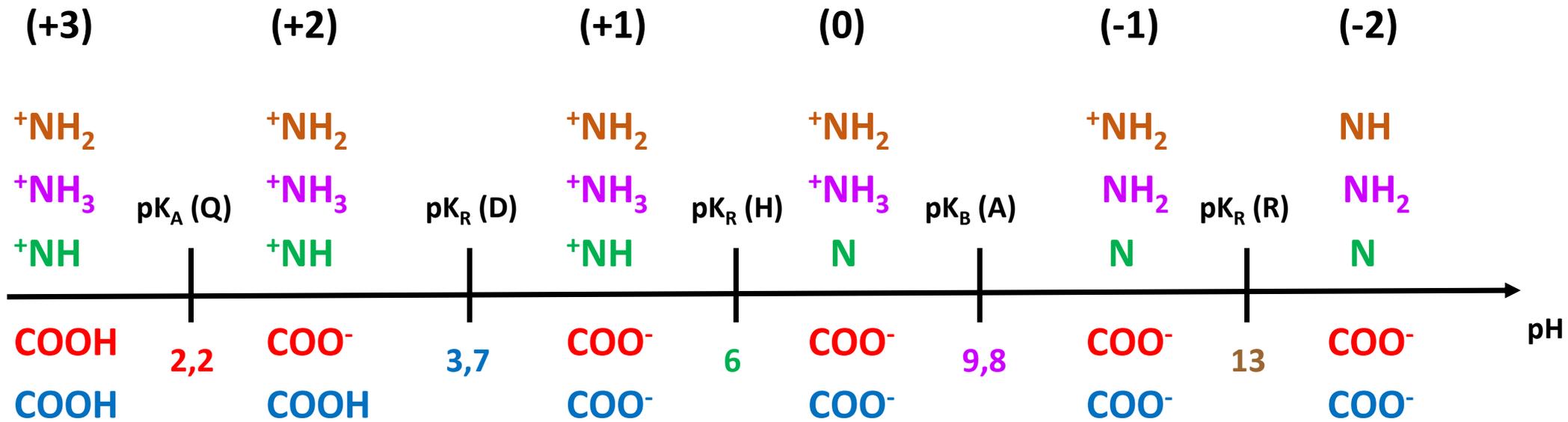
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES



□ Comptabilisation globale des charges



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

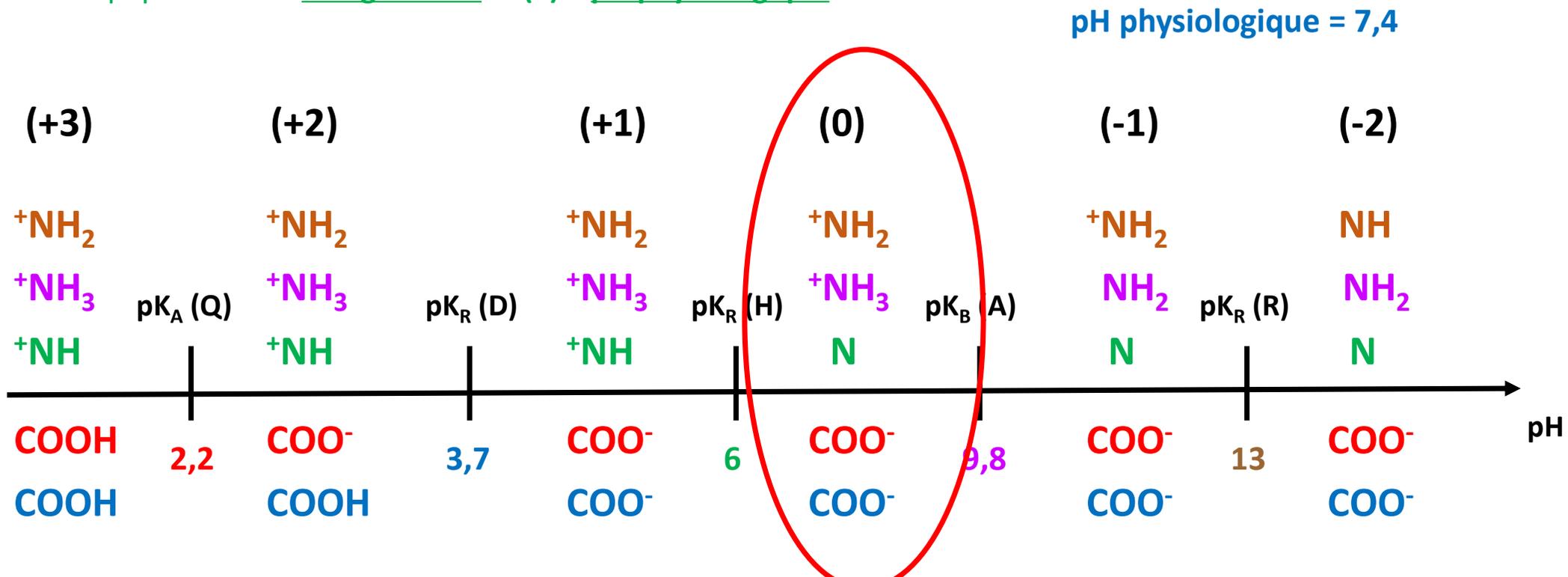
IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique

B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

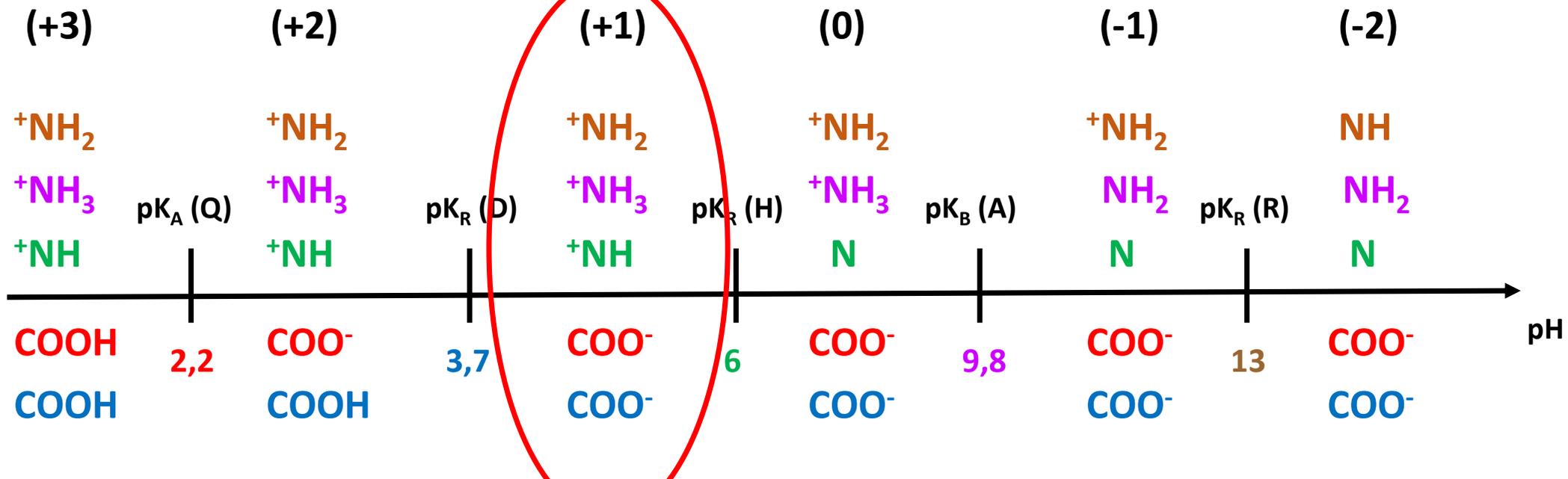
V-LIPIDES

QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5

D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5

E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5



QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

- A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique
- B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique**
- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5**
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5

Réponses: B, D

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,
METABOLISME

V-LIPIDES

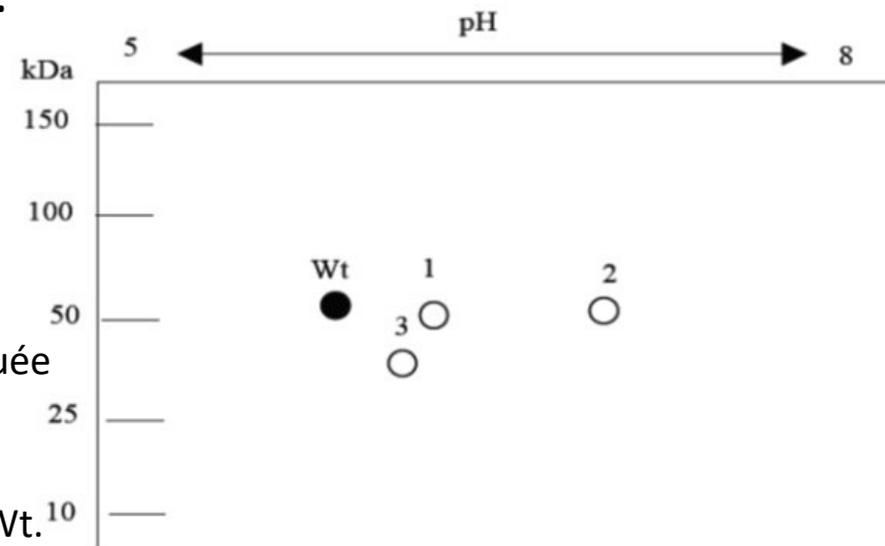
61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

1^{ère} étape: localiser la migration des différents mutants sur l'électrophorèse

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

- A La tache 1 indique la présence du mutant A
- B La tache 2 indique la présence du mutant B
- C La tache 3 indique la présence du mutant C
- D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal
- E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,
METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

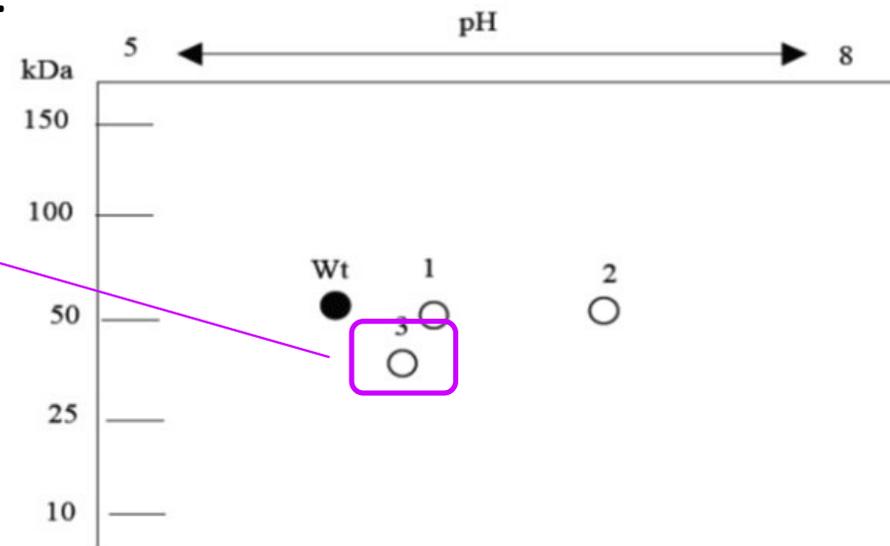
- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

Migration à un poids
moléculaire inférieur à la
protéine Wt



Mutant de délétion (D)



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatiche de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

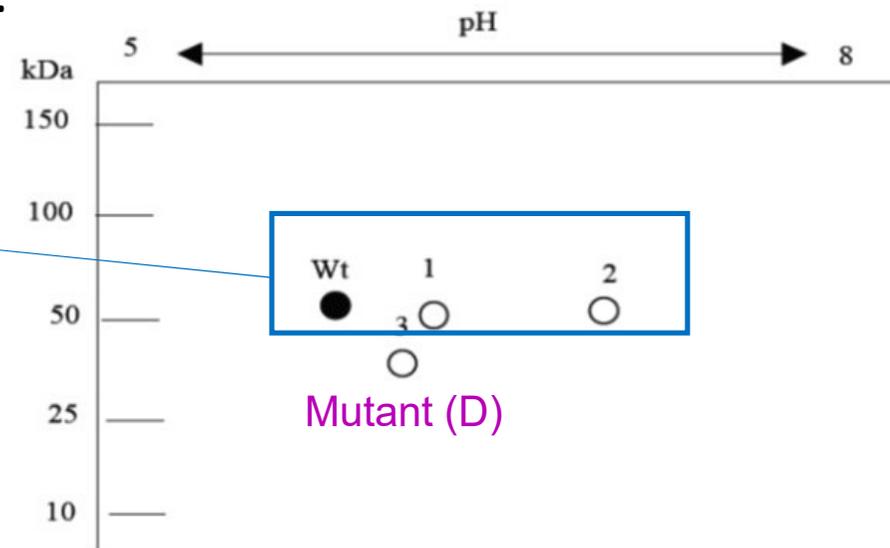
- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

Même poids moléculaire
que Wt mais arrêt de
migration à des pH
différents



Mutants ponctuels



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,
METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

Mutants ponctuels

(A): V213 → A
pHi inchangé



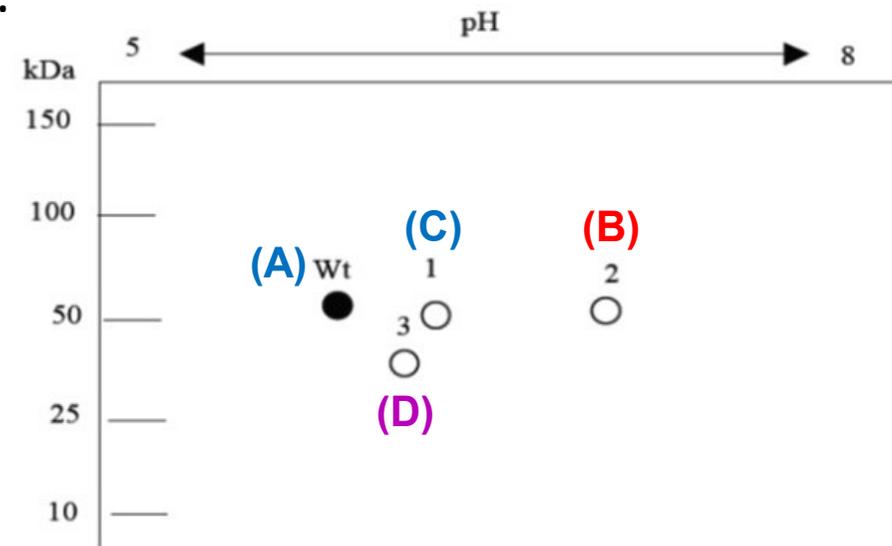
Migration
inchangée / Wt

(C): E264 → V
pHi augmenté / Wt



(B): point 2
(C): point 1.

(B): E342 → K
pHi d'autant plus
augmenté / Wt



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

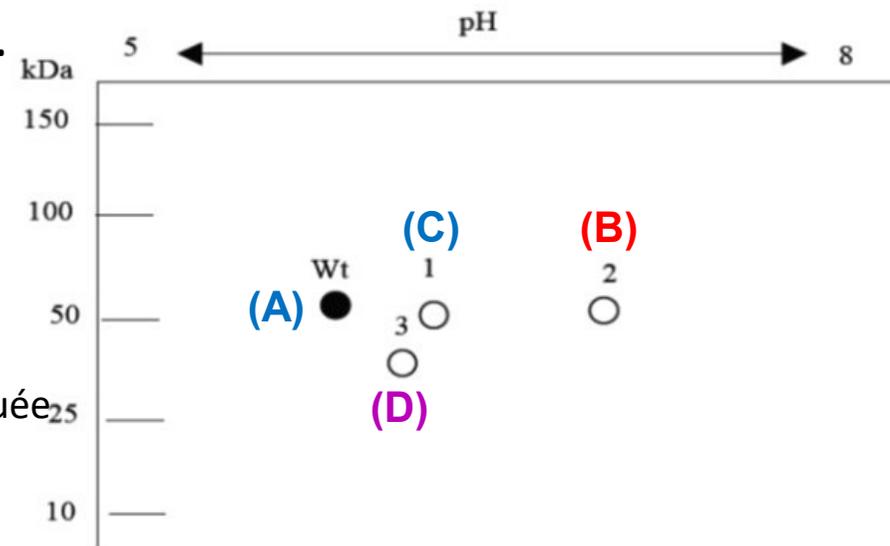
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

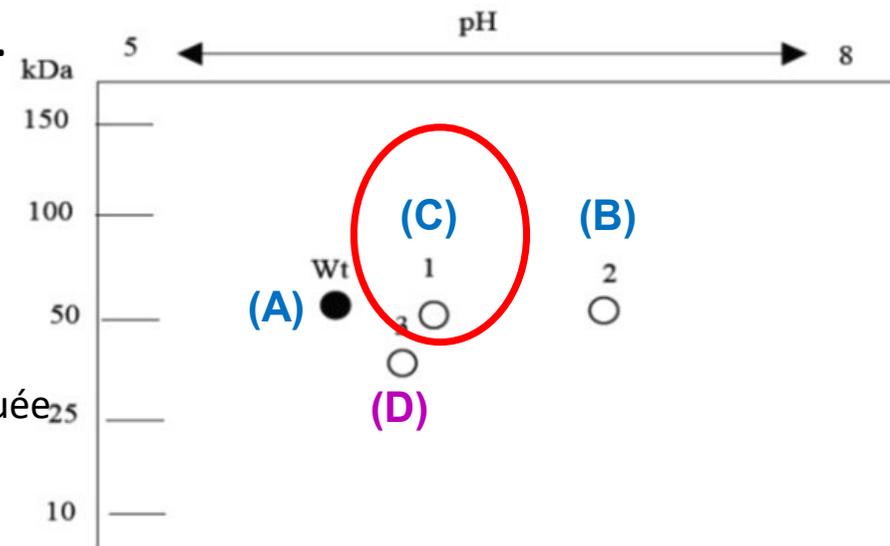
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

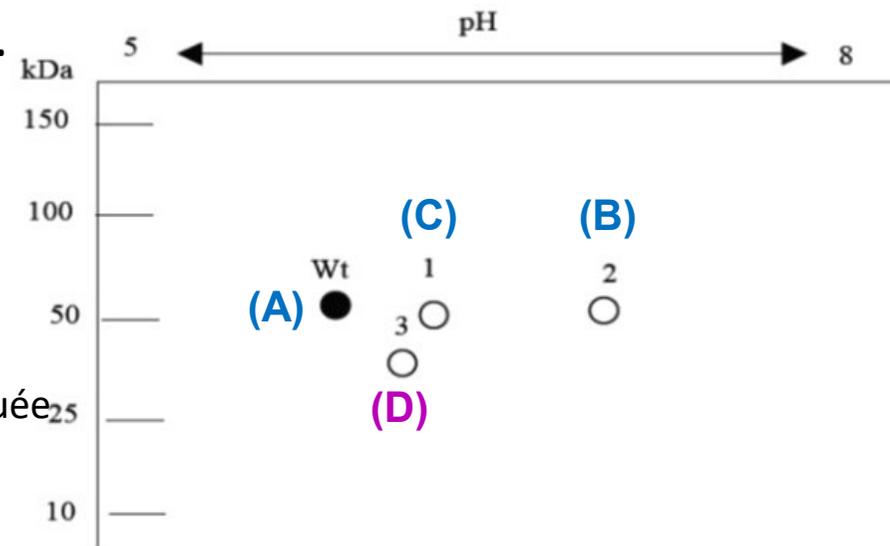
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

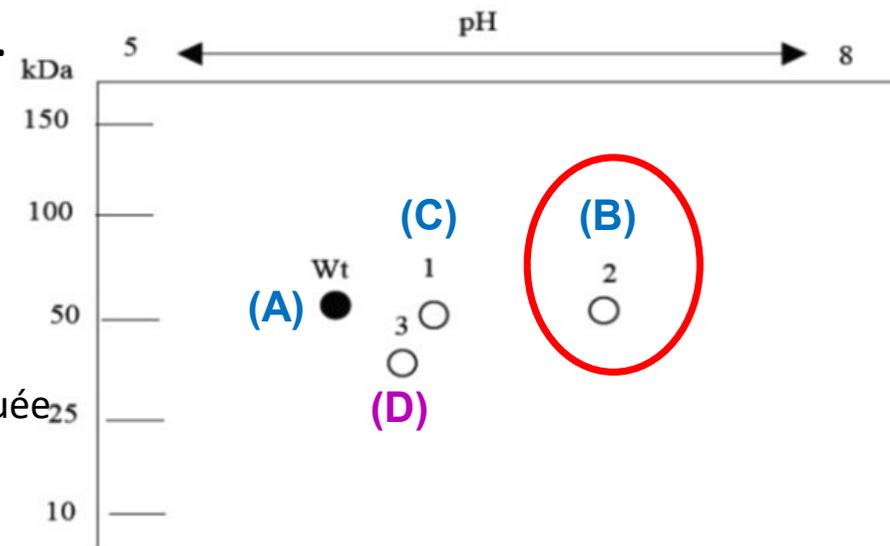
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

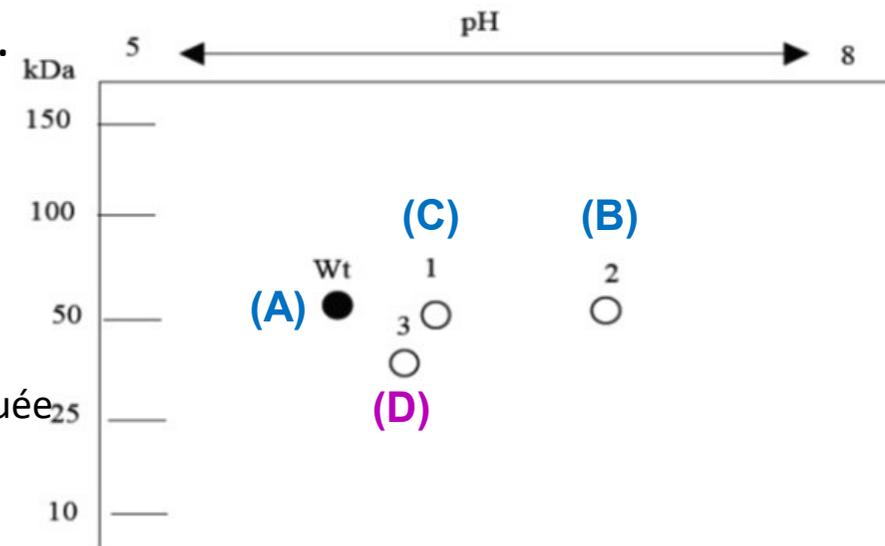
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,
METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

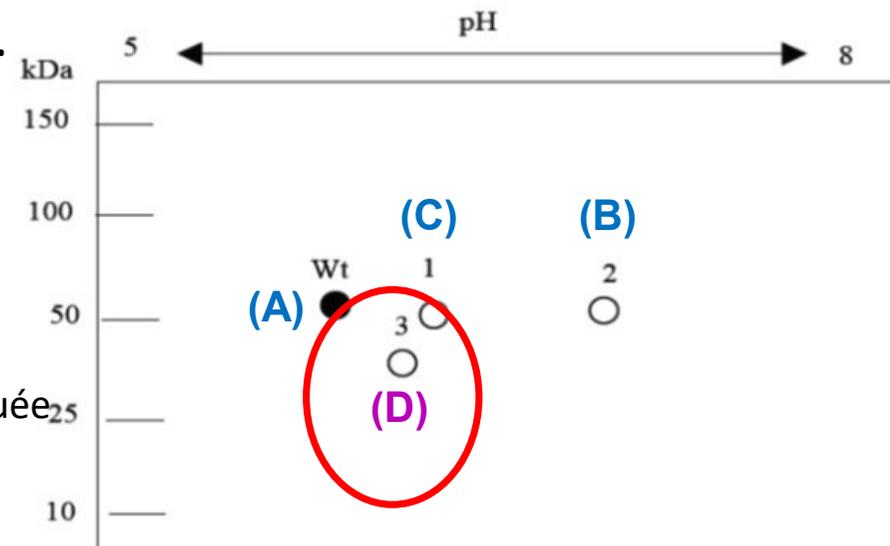
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

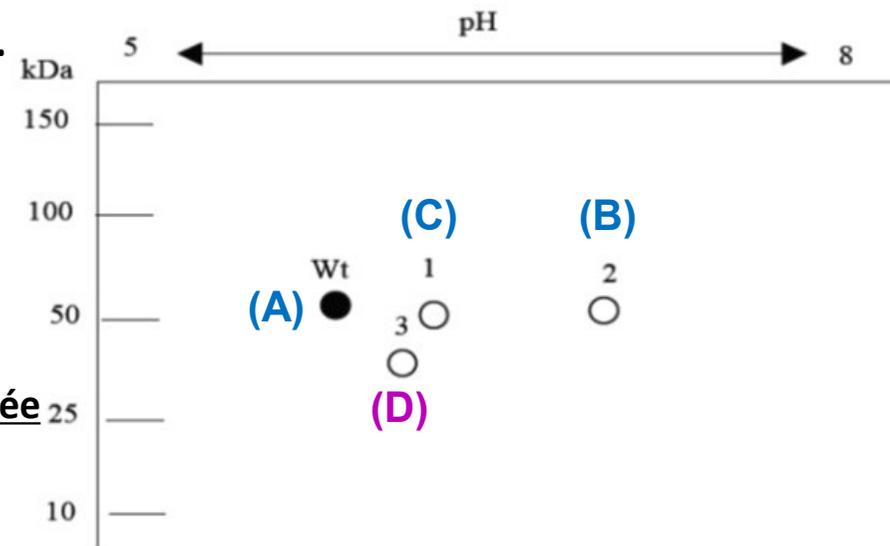
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E. Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,
METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

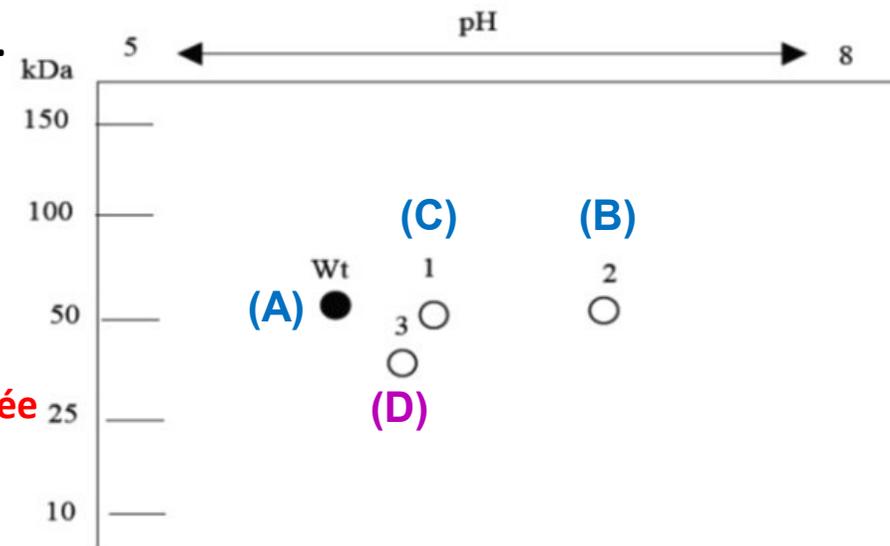
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

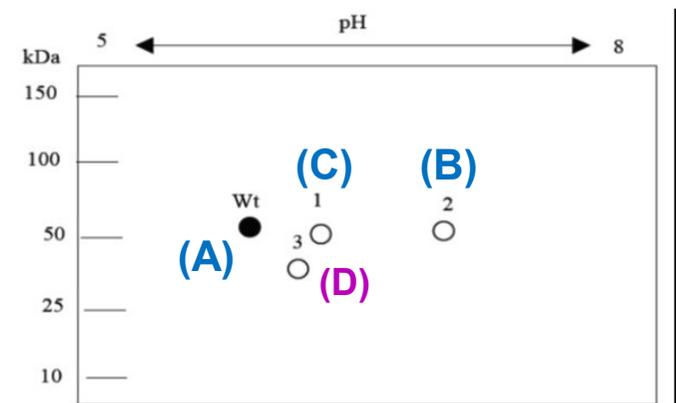
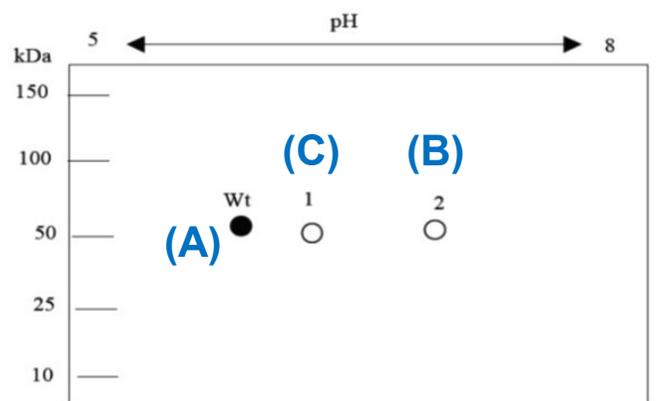
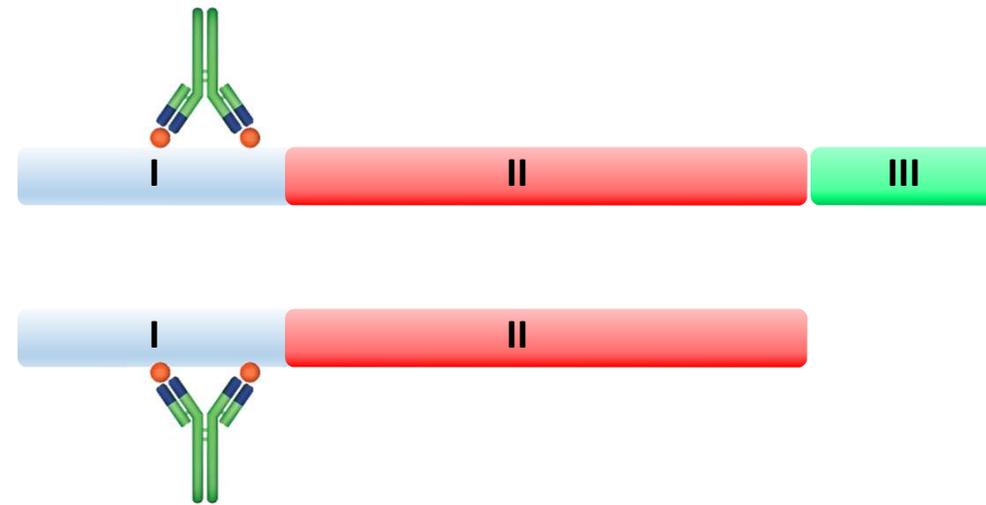
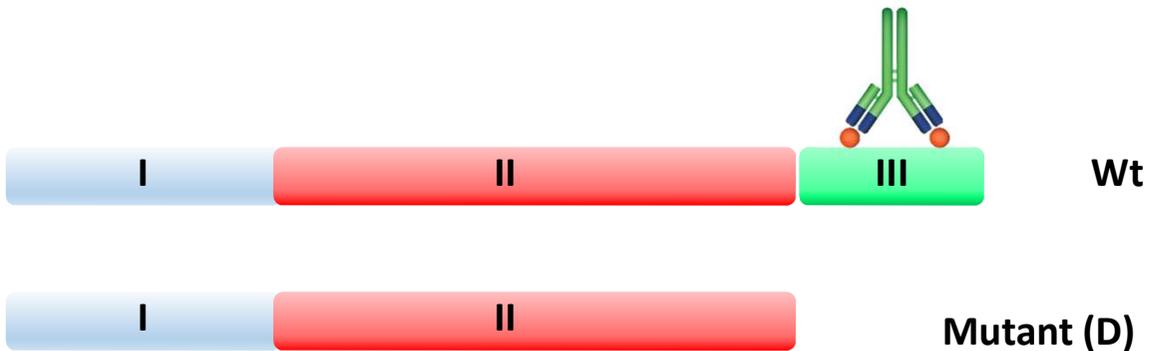
D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E. Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



Épitope situé dans
les 15 acides aminés
C-terminaux

Épitope non situé
dans les 15 acides
aminés C-terminaux



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE,
METABOLISME

V-LIPIDES

61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

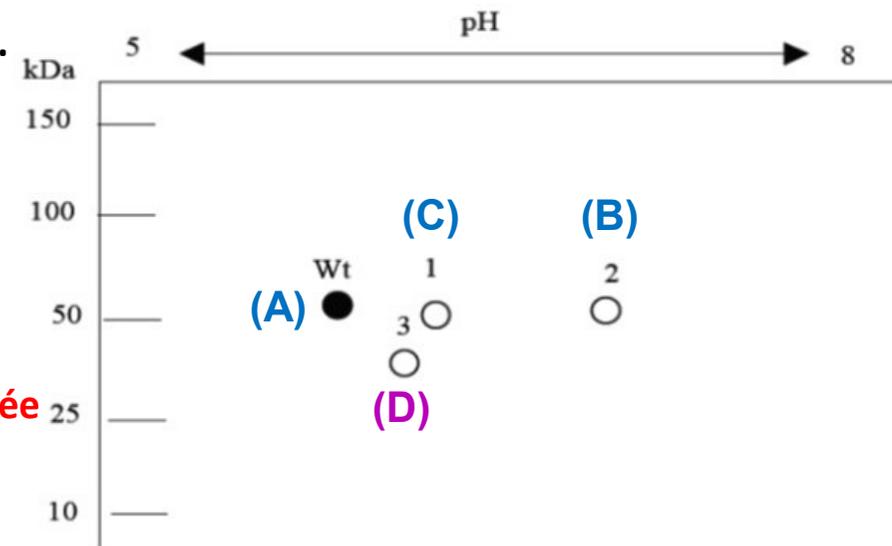
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E. Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE, METABOLISME

V-LIPIDES

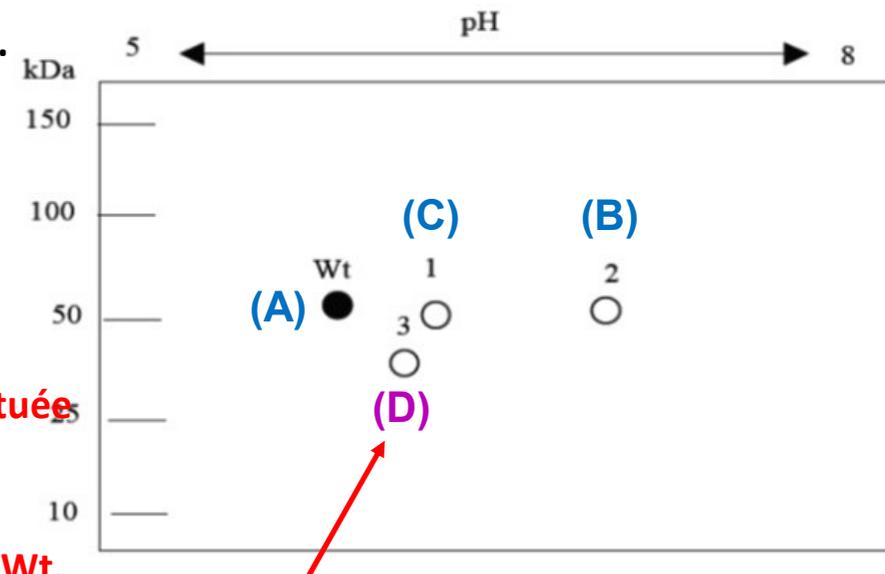
61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Réponse : B

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

- A La tache 1 indique la présence du mutant A
- B La tache 2 indique la présence du mutant B
- C La tache 3 indique la présence du mutant C
- D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal
- E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun aux QCM 105 et 106

Sujet Examen Terminal 2020 (aa/peptides/enzymo) : **L'angiotensine II** est un octapeptide **issu du clivage de l'angiotensine I** par l'enzyme de conversion **(ECA)**. L'angiotensine II a un rôle fondamental dans le maintien de la pression artérielle en contrôlant la volémie plasmatique. Elle agit notamment en se liant sur les récepteurs AT1R dont l'activation provoque une vasoconstriction et une **élévation de la pression artérielle**. L'angiotensine II est la cible de plusieurs **antihypertenseurs** dont les **inhibiteurs de l'ECA** (le captopril par exemple) et les inhibiteurs d'AT1R (les sartans).

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

- **Captopril: anti-hypertenseur, inhibiteur enzyme ECA**
- **ECA: enzyme de conversion permet générer angiotensine II (régulateur pression artérielle → augmentation)**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Dosage Activité ECA

- **Substrat:** FAPGG (absorbe à 340nm)
- **Suivit Cinétique:** mesure Absorbance 340 nm

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Evolution Absorbance



- Le composé absorbant à 340 nm est **le substrat FAPGG**
- **L'absorbance diminue** au cours de la réaction ($A_{T0} > A_{T2} > A_{T5}$)
- La **diminution de A_{340} est le reflet de l'hydrolyse de FAPGG**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

- A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), substrat qui absorbe à 340 nm. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les résultats d'absorbance à 340 nm (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril
Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

- La Captopril est un inhibiteur de l'enzyme de conversion de l'angiotensine I en angiotensine II
- La mesure de l'évolution de l'absorbance au cours de la réaction enzymatique montre une **diminution plus lente en présence de Captopril (Cpos) qu'en absence (Cneg)**
- Le **substrat est moins rapidement hydrolysé** en présence de Captopril (Cpos)

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

- **Objectif:** doser l'activité de l'enzyme de conversion ECA
- **Conditions expérimentales:** le substrat FAPGG est mis en excès (substrat ne doit pas être limitant), $[S]$ élevée
- **$V = V_{max}$**

Cinétique d'ordre 0 et d'ordre 1 ?

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), substrat qui absorbe à 340 nm. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

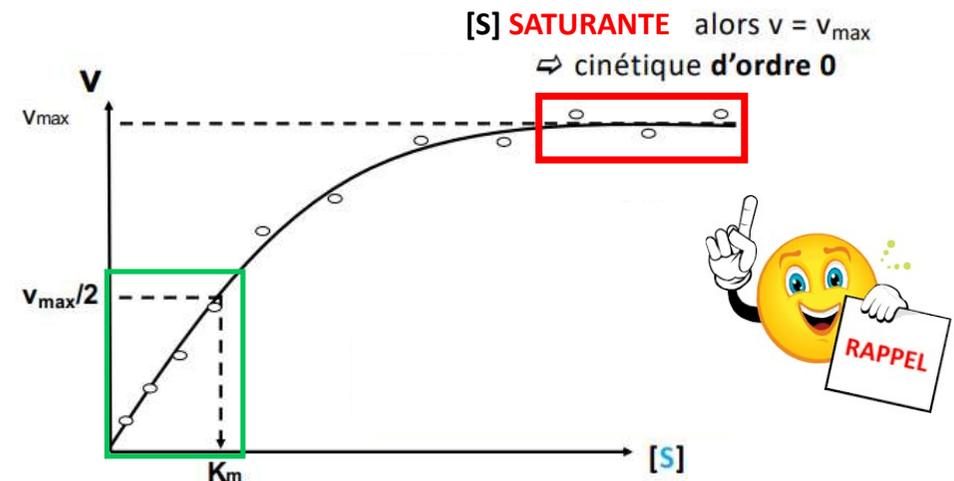
Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril



[S] FAIBLE = v_0 est proportionnelle à [S] \Rightarrow cinétique d'ordre 1

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**

D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**

E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

- **Comparaison évolution diminution de l'absorbance** au cours de la réaction enzymatique entre **Cpos et Patient**
- L'absorbance au cours de la réaction enzymatique **diminue plus rapidement** chez le **patient** (proche de Cneg) que dans le **Cpos**
- **A T5: 70%** du substrat est hydrolysé chez le **patient**, alors que seulement **20%** du substrat est hydrolysé dans le **Cpos**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), substrat qui absorbe à 340 nm. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les résultats d'absorbance à 340 nm (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

- L'absorbance au cours de la réaction enzymatique **diminue plus rapidement** chez le **patient** (proche de Cneg) que dans le **Cpos** –
- **A T5: 70%** du substrat est hydrolysé chez le **patient**, alors que seulement **20%** du substrat est hydrolysé dans le **Cpos**



Le patient **ne prend pas de manière régulière** son traitement

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

- A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**
- C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**
- D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**
- E. La **vitesse de la réaction** est **proche de Vmax** en **absence de captopril**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), substrat qui absorbe à 340 nm. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les résultats d'absorbance à 340 nm (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**

D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**

E. La **vitesse de la réaction** est **proche de V_{max}** en absence de captopril

- La réaction enzymatique est réalisée dans des conditions saturantes de substrat : réaction ordre 0
- $V = V_{max}$



En absence de l'inhibiteur Captopril, la vitesse de réaction mesurée est proche de V_{max}

Réponses: A, E

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), substrat qui absorbe à 340 nm. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les résultats d'absorbance à 340 nm (A_{340}) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de A_{340} est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de V_{max} en absence de captopril

Réponses: A, E

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Pourquoi on a la même valeur d'absorbance à T0 pour toutes les conditions expérimentales?



[S] saturante et identique

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

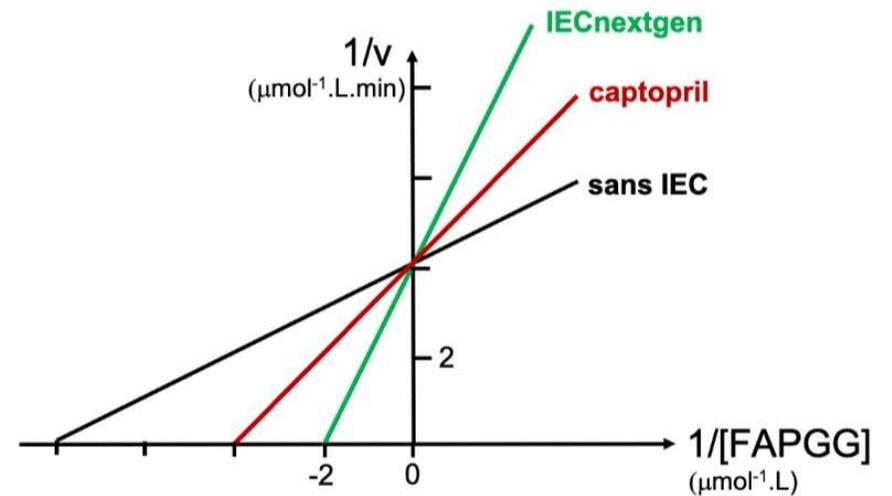
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen). Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme **allostérique**
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

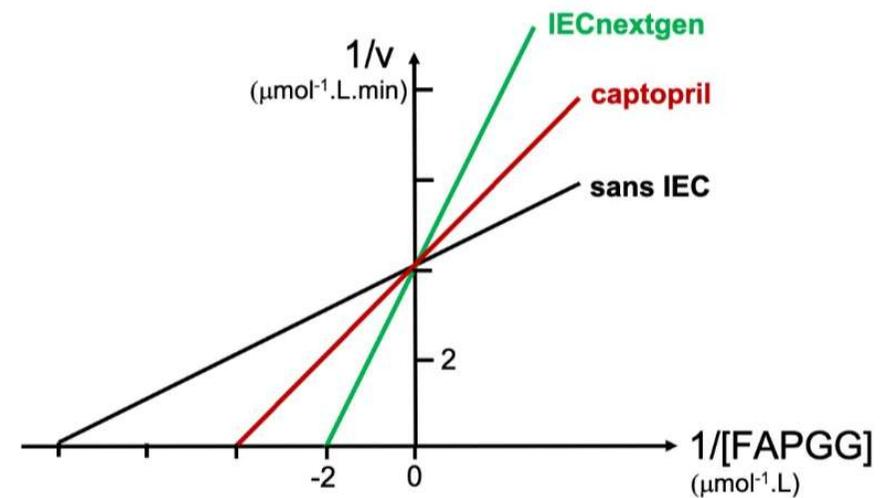
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A **L'ECA est une enzyme allostérique**
- B **Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA**
- C **Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$**
- D **Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril**
- E **L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA**



Représentation en double inverse : une droite



Enzyme Michaelienne

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

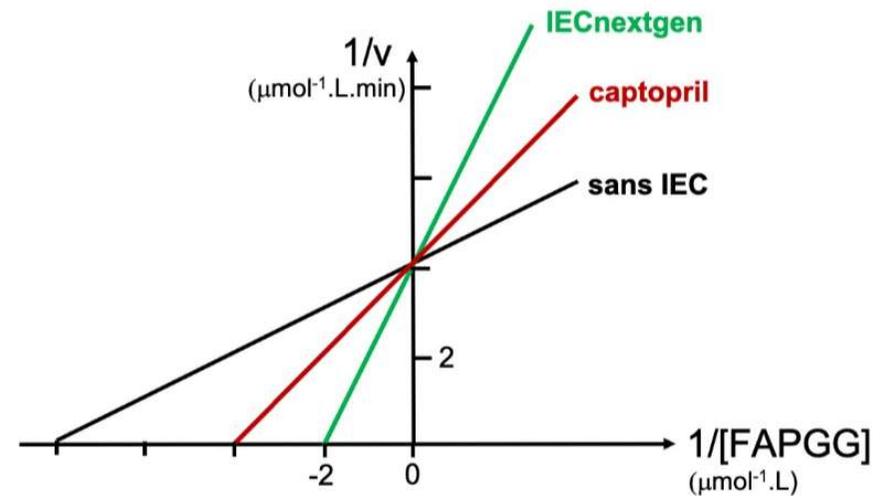
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A **L'ECA est une enzyme allostérique**
- B **Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA**
- C **Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$**
- D **Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril**
- E **L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA**



- **K_m traduit l'affinité de l'enzyme pour son substrat**
- **Comparaison du K_m ECA et des K_m apparents en présence des IEC**

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

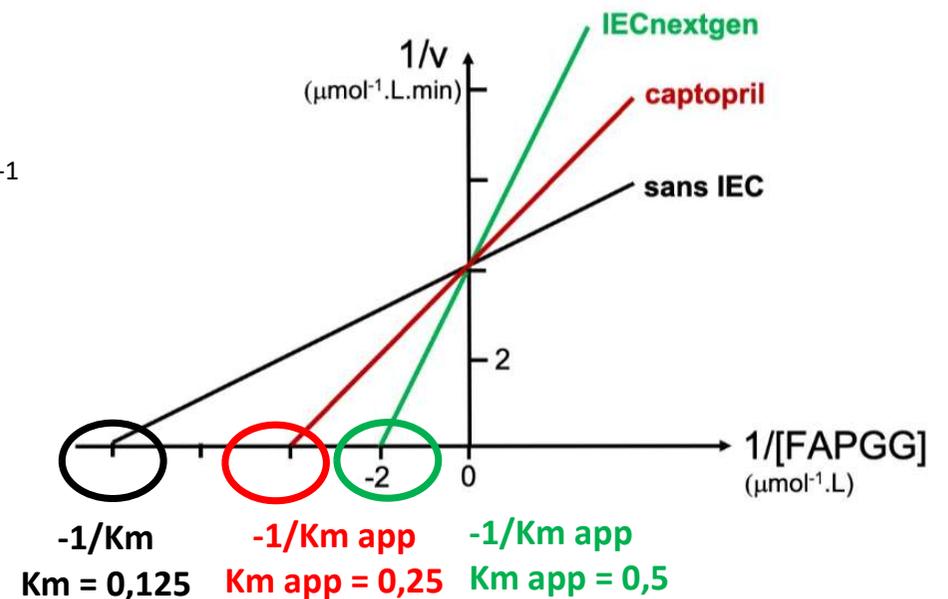
QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA

Km augmenté en présence d'IEC



Diminution de l'affinité de l'enzyme pour son substrat



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

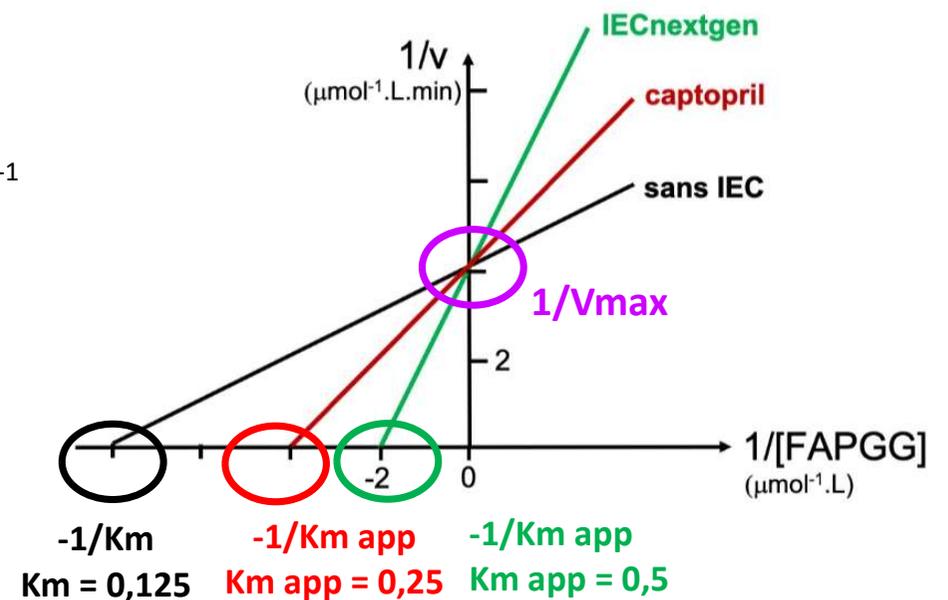
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



Km augmenté et Vm inchangé en présence d'IEC



Quel type d'inhibiteur ?

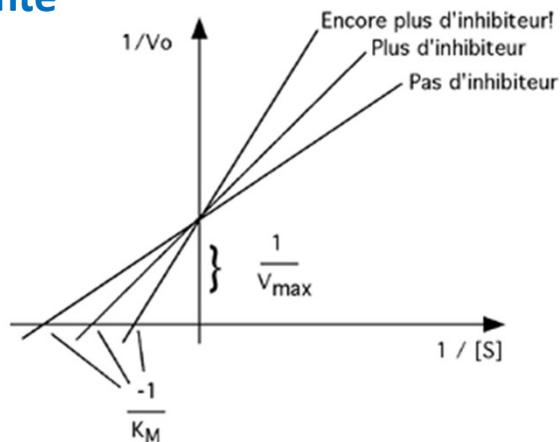
INHIBITEUR COMPETITIF

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter **un nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :



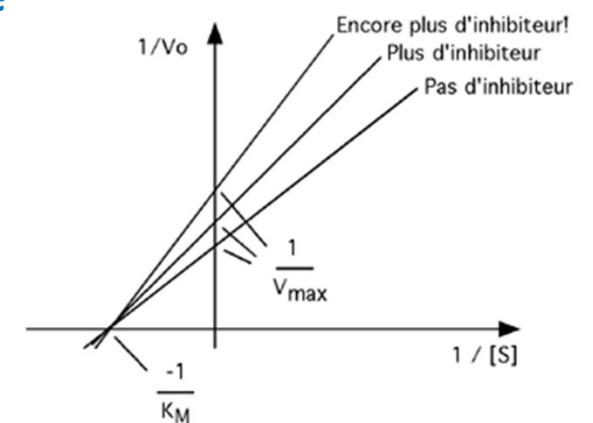
INHIBITEUR COMPETITIF

- Interagit avec l'enzyme uniquement si site actif libre
- V_{\max} inchangé
- K_m augmente



INHIBITEUR NON COMPETITIF

- Interagit avec l'enzyme que son site actif soit libre ou non
- V_{\max} diminue
- K_m inchangé



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

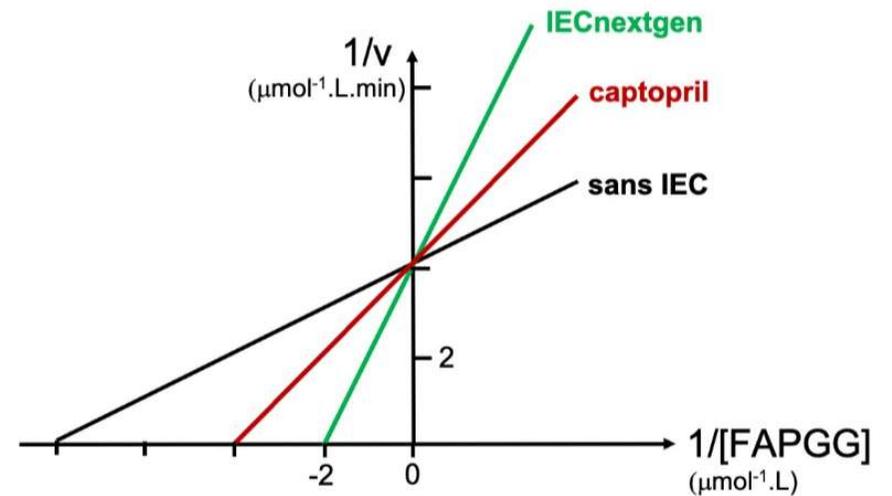
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

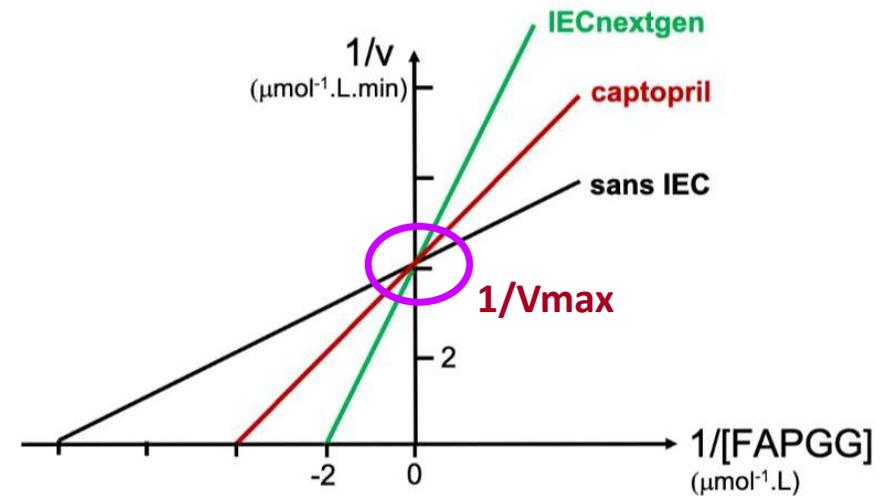
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter **un nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \text{ }\mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



$$1/ V_{\max} = 4 \text{ }\mu\text{mol}^{-1}.\text{L}.\text{min}$$



$$V_{\max} = 0,25 \text{ }\mu\text{mol}.\text{L}^{-1}.\text{min}^{-1}$$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA

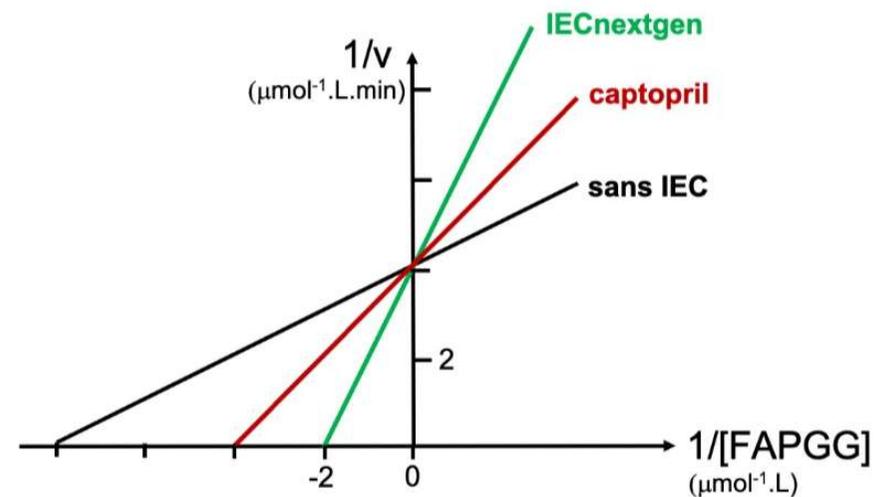
Km apparent en présence inhibiteur compétitif:

Formule vue en CM

$$K_m \text{ app} = K_m + \left(\frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

$$\frac{1}{K_i} = \frac{(K_m \text{ app} - K_m)}{([I] \times K_m)}$$

$$K_i = \frac{([I] \times K_m)}{(K_m \text{ app} - K_m)}$$



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

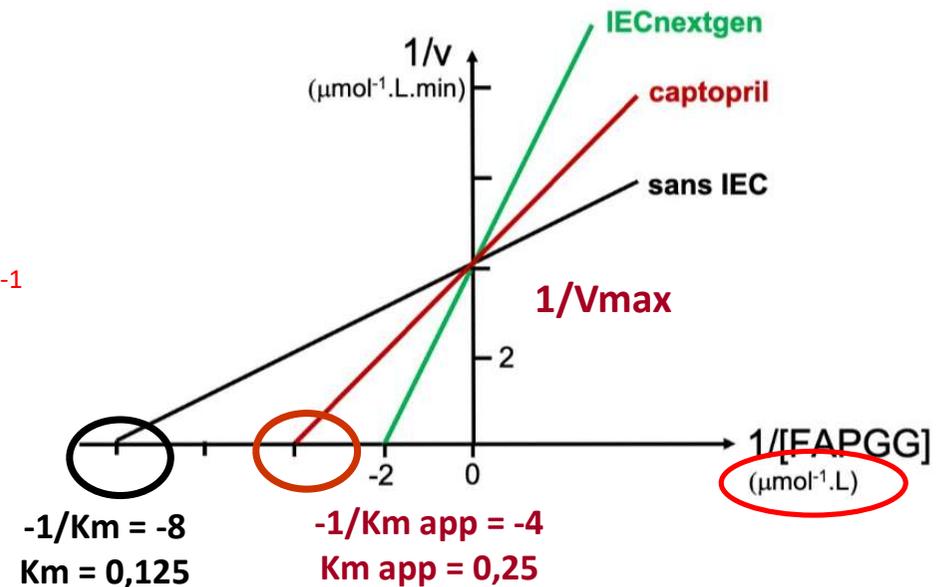
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



K_m apparent en présence inhibiteur compétitif:

$$K_m \text{ app} = K_m + \left(\frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

$$\frac{1}{K_i} = \frac{K_m \text{ app} - K_m}{[I] \times K_m}$$

$$K_i = \frac{[I] \times K_m}{K_m \text{ app} - K_m}$$

$$K_i \text{ captopril} = \left(\frac{1000 \times 0,125}{0,25 - 0,125} \right)$$

$$= \frac{125}{0,125}$$

$$= 1000 \mu\text{mol.L}^{-1}$$

$$[I] = 1 \text{ mmol.L}^{-1}$$

$$= 1000 \mu\text{mol.L}^{-1}$$

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

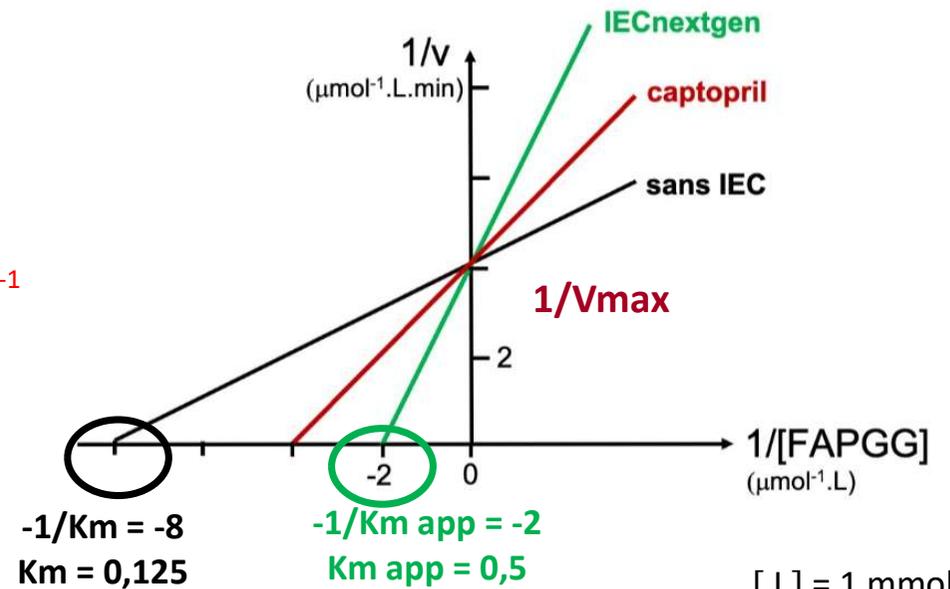
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



K_m apparent en présence inhibiteur compétitif:

$$K_m \text{ app} = K_m + \left(\frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

$$\frac{1}{K_i} = \frac{K_m \text{ app} - K_m}{[I] \times K_m}$$

$$K_i = \frac{[I] \times K_m}{K_m \text{ app} - K_m}$$

$$\begin{aligned} K_i \text{ IECnextgen} &= \left(\frac{1000 \times 0,125}{0,5 - 0,125} \right) \\ &= 125/0,375 \\ &= 333,333 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} [I] &= 1 \text{ mmol.L}^{-1} \\ &= 1000 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1} \end{aligned}$$

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

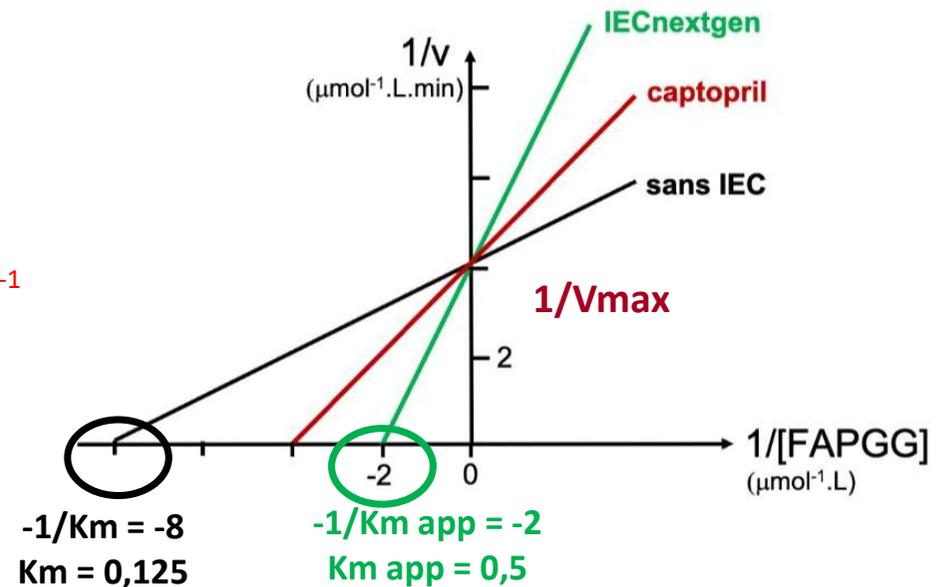
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



Km apparent en présence inhibiteur compétitif:

$$K_m \text{ app} = K_m + \left(\frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

$$\frac{1}{K_i} = \frac{K_m \text{ app} - K_m}{[I] \times K_m}$$

$$K_i = \frac{[I] \times K_m}{K_m \text{ app} - K_m}$$

$$K_i \text{ captopril} = 1000 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$$

$$K_i \text{ IECnextgen} = 333,333 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$$



$$K_i \text{ IECnextgen} = K_i \text{ captopril} / 3$$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

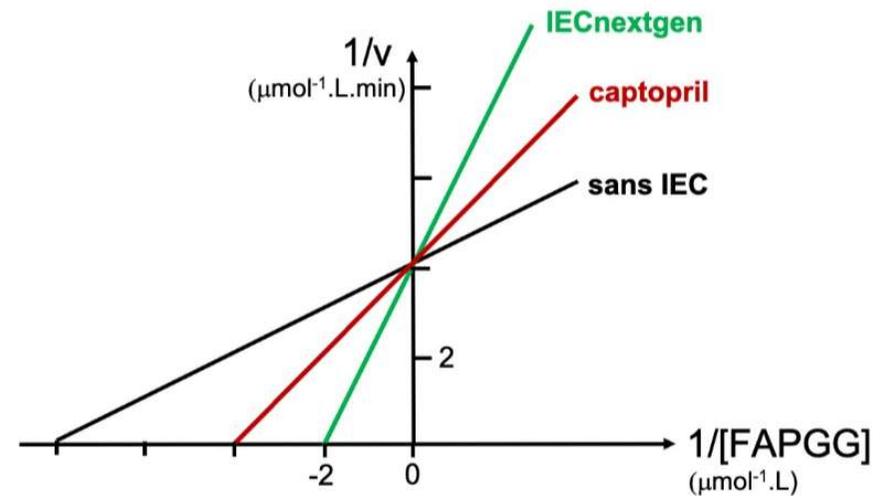
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

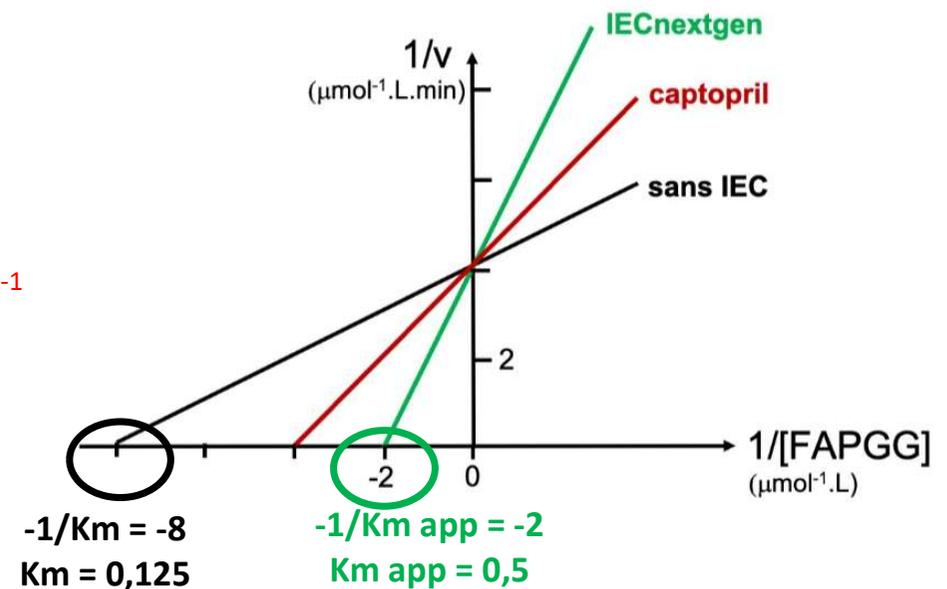
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de 1 mmol.L^{-1} :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le V_{\max} en présence de captopril est de $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le K_i de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le K_m de l'ECA



K_m sans inhibiteur = $0,125 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$

K_m avec IECnextgen = $0,5 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$

→ L'IECnextgen augmente le K_m de l'ECA de 4 fois.

↓ L'enzyme ECA a moins d'affinité pour son substrat en présence d'IECnextgen

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (**PC1**) et de type 2 (**PC2**) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la **POMC** (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : **l'ACTH** (produit par le **clivage seul de la PC1**), et **l' α -MSH** (produit par le **clivage de l'ACTH par la PC2**). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La **PC1** a pour propriété spécifique de **couper entre une lysine et une arginine** au sein d'un motif [**acide glutamique – X – lysine – arginine**] où X est un résidu acide aminé quelconque. La **PC2** coupe entre une **lysine et une arginine** au sein d'un motif [**lysine-lysine-arginine-arginine**].

MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
HFRWDRFGRR	NSSSSGSSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPREGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVY
PNGAEDESAAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

Séquence primaire de la POMC :

QCM 116. Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- Elle clive POMC en deux fragments
- Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Séquence primaire POMC:

MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
HFRWDRFGRR	NSSSSGSSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPREGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVV
PNGAEDESAAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

Site de clivage de la PC1 = Motifs E-X-K-R

Combien de fragments générés?

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Séquence primaire POMC:

10	20	30	40	50	60	70	80
MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
90	100	110	120	130	140	150	160
HFRWDRFGRR	NSSSSGSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPFEGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVY
170	180	190	200	210	220	230	240
PNGAEDESAAE	AFPL [↑] EFK [↓] REL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSLL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
250	260						
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

coupure entre les résidus 136 et 137 et entre les résidus 177 et 178

Site de clivage de la PC1 = Motifs E-X-K-R

Combien de fragments générés? **3**

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

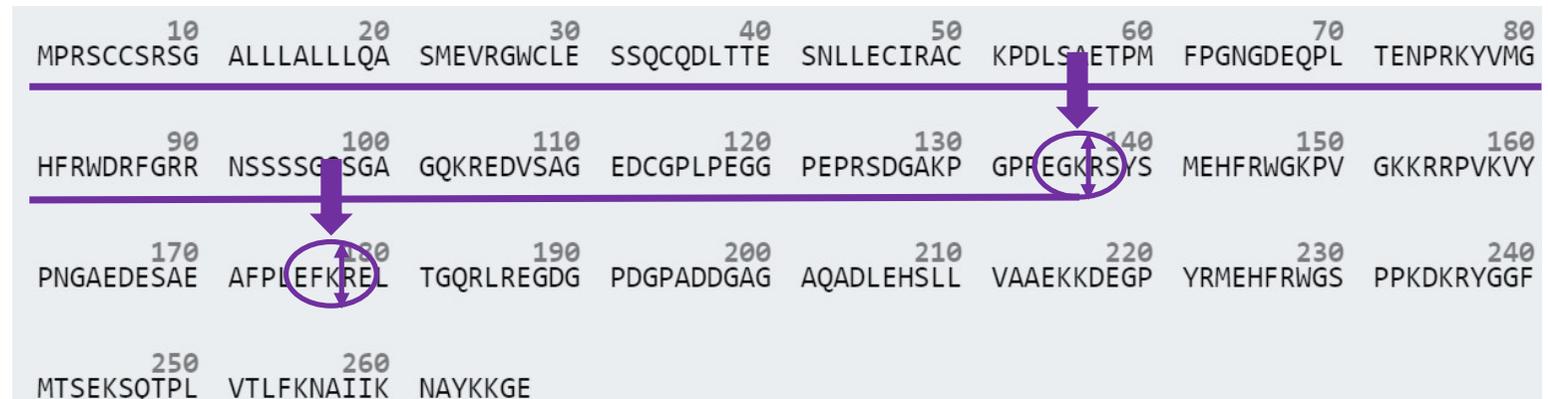
La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Fragments obtenus suite à action PC1

Fragment N-Ter

a.a. 1 à 136

= **136 résidus**



coupure entre les résidus **136 et 137** et entre les résidus **177 et 178**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Fragments obtenus suite à action PC1

Fragment N-Ter

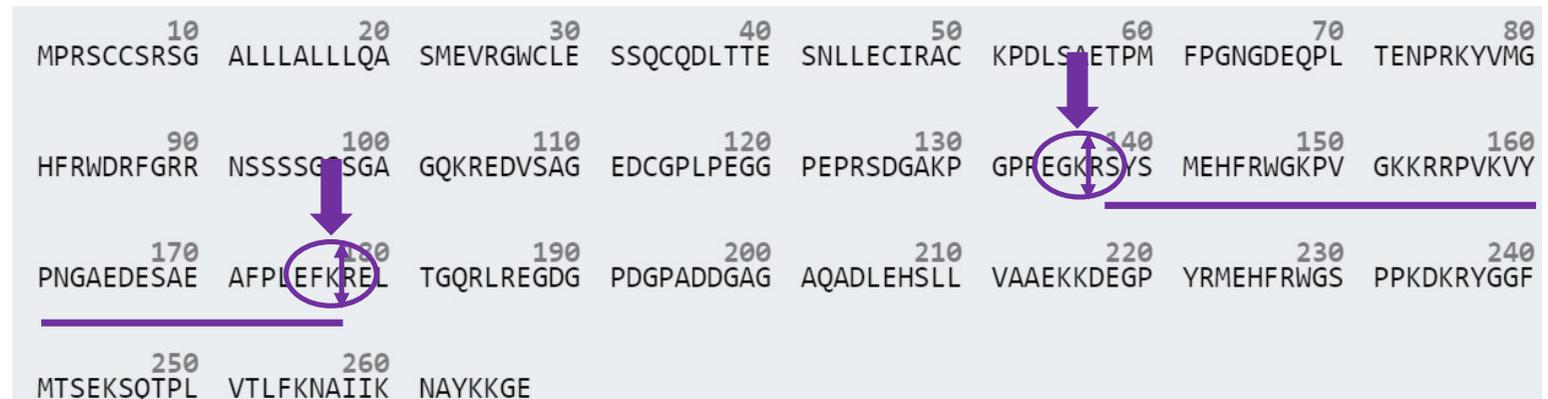
a.a. 1 à 136

= **136 résidus**

Fragment central

a.a. 137 à 177

= **41 résidus**



coupure entre les résidus **136 et 137** et entre les résidus **177 et 178**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Fragments obtenus suite à action PC1

Fragment N-Ter

a.a. 1 à 136

= **136 résidus**

Fragment central

a.a. 137 à 177

= **41 résidus**

Fragment C-Ter

a.a. 178 à 267

= **90 résidus**

10	20	30	40	50	60	70	80
MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
90	100	110	120	130	140	150	160
HFRWDRFGRR	NSSSSGSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPPEGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVY
170	180	190	200	210	220	230	240
PNGAEDESAE	AFPL ¹³⁶ EFK ¹³⁷ REL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
250	260						
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

coupure entre les résidus **136 et 137** et entre les résidus **177 et 178**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

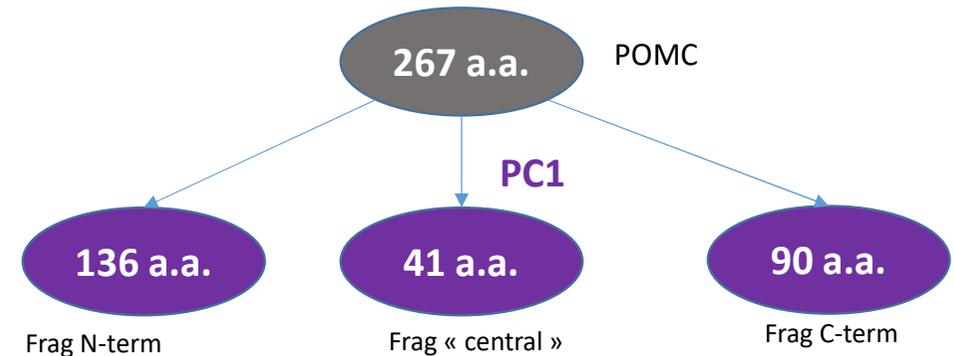
Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Action de la **PC1** sur POMC :

QCM 116. Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

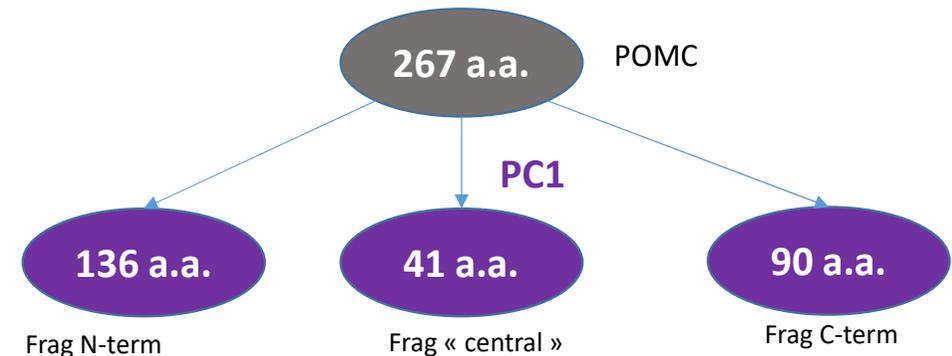
Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Action de la **PC1** sur POMC :

QCM 116. Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

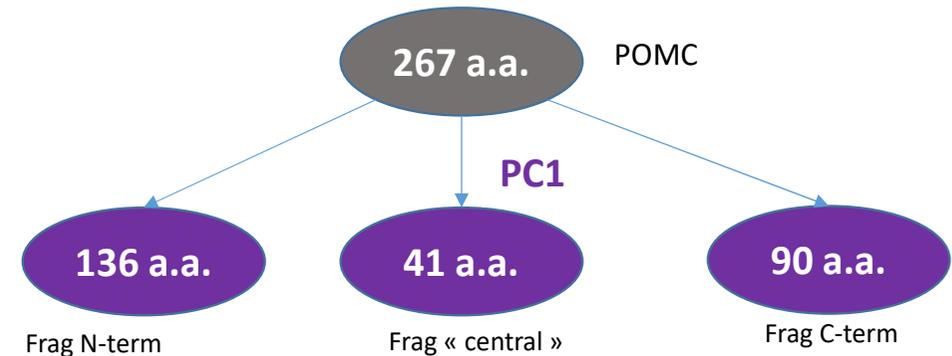
Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Action de la **PC1** sur POMC :

QCM 116. Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 116. Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par l'**hydroxylamine**
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



Hydroxylamine

Motif « **NG** »

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 116. Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par l'**hydroxylamine**
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

N-Ter:

¹ MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI
RACKPDLAETPMFPG **NG**DEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPRE**KG**₁₃₆

Central

¹³⁷ **R**SYSMEHFRWGKPVGKKRRPVKVYP **NG**AEDESAAEFPLE**FK**₁₇₇

C-Ter:

¹⁷⁸ **R**ELTGQRLREGDGPDPDGGAGAGADLEHSLLVAAEKKDEGPYR
MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIIKNAYKKGE
₂₆₇

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

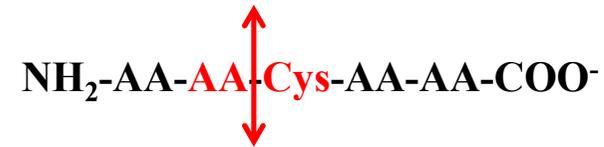
V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 116. Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'hydroxylamine**
- E. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque**



acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

Avant une **cystéine**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 116. Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'hydroxylamine**
- E. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque**

N-Ter:

¹ MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLEC
 RACKPDLSAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN
 SSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPREGK
 136

Central

¹³⁷ RSYSTEMHFRWGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAFAFPLEFK
 177

C-Ter:

¹⁷⁸ RELTGQRLREGDGPDPDGGAGAGADLEHSLLVAAEKKDEGPYR
 MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIIKNAYKKGE
 267

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 116. Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

Réponse : D

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 117 : Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' α -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' α -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. l' α -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. l' α -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 117 : Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' α -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' α -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' α -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' α -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2).

1. Identifier quel fragment de POMC correspond à l'ACTH

136 a.a.

41 a.a.

90 a.a.

Lequel est sensible à l'action de la PC2 ?

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la PC2 ? = Motifs K-K|R-R

136 a.a.

N-term

¹ MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI
RACKPDLAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPREGK₁₃₆

41 a.a.

Central

oui

¹³⁷ RYSYMEHFRWGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAFAFPLEFK₁₇₇

90 a.a.

C-term

?

¹⁷⁸ RELTGQRLREGDGPDPADDGAGAQAADLEHSLLVAAEKKDEGPYR
MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIKNAYKKGE₂₆₇

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la PC2 ? = Motifs K-K|R-R

~~136 a.a.~~

N-term

41 a.a.

Central

oui

¹³⁷ RSYMEHFRWVGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAEAFPLEFK₁₇₇ = ACTH

~~90 a.a.~~

C-term



Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la **PC2** ? = Motifs K-K | R-R



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

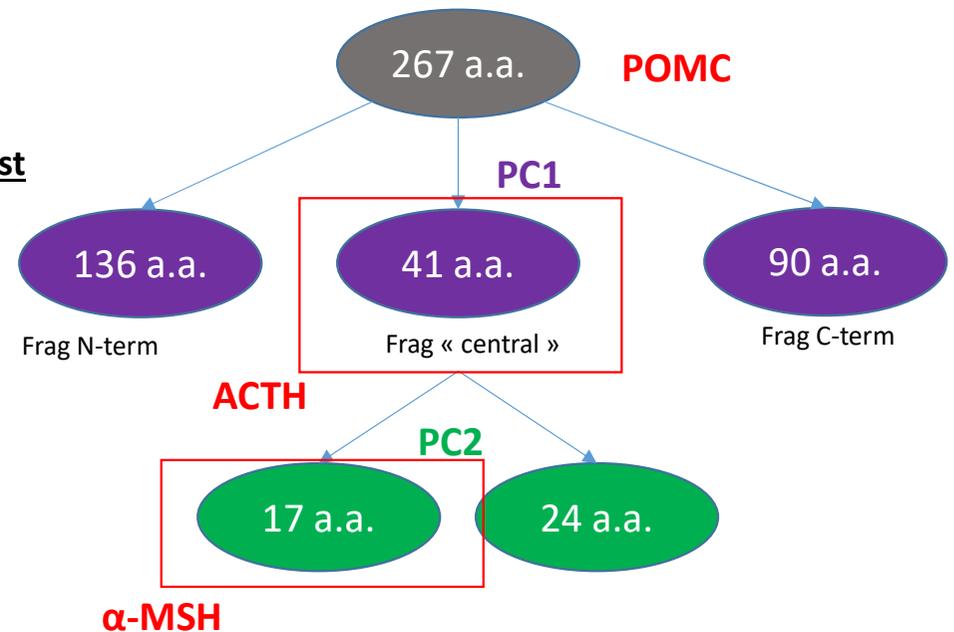
V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 117 : Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' α -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- L' α -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- L' α -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- L' α -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

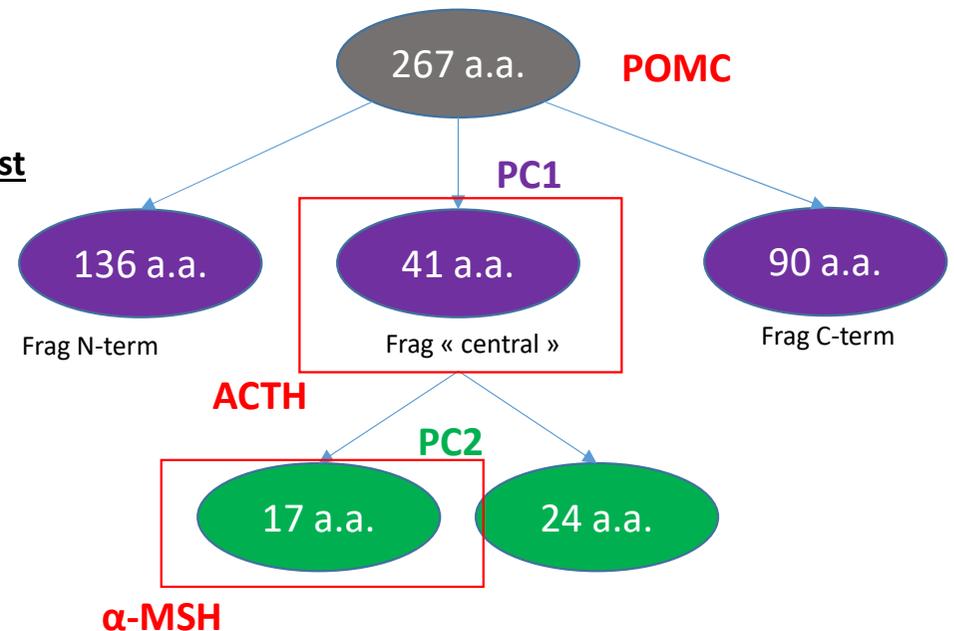
V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 117 : Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' α -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' α -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' α -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' α -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

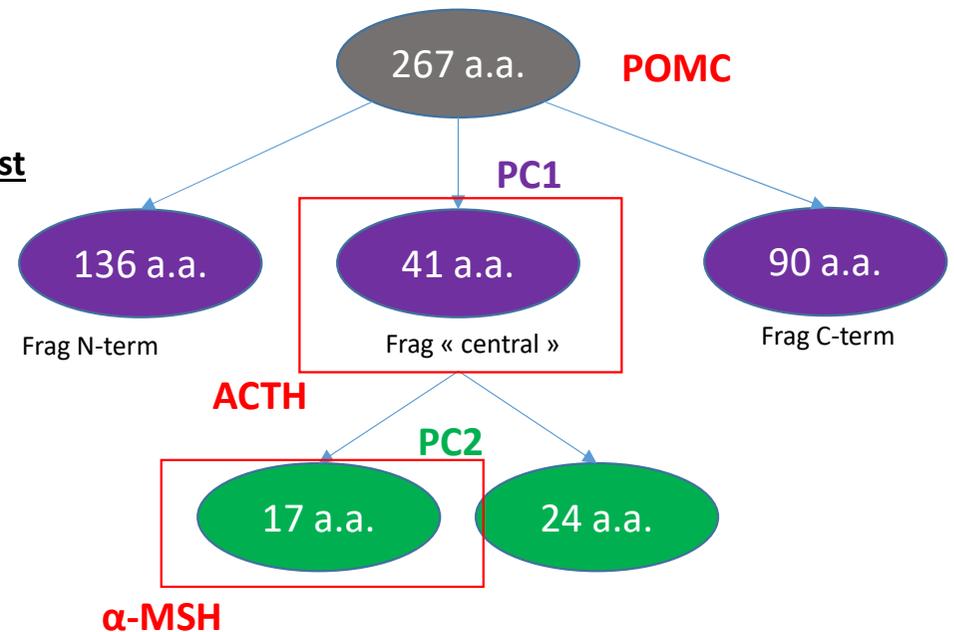
V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 117 : Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' α -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' α -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. l' α -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. l' α -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

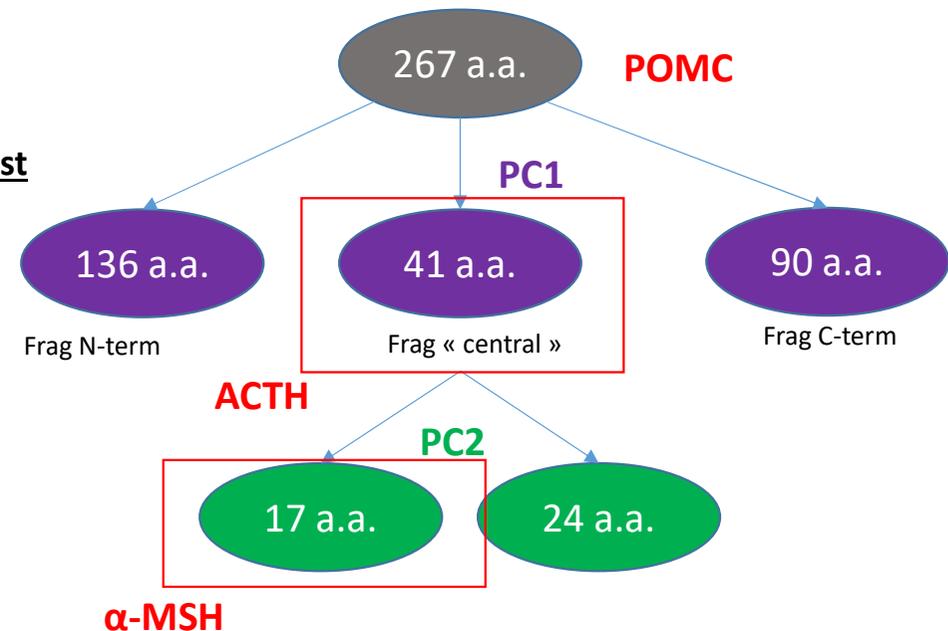
V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

QCM 117 : Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' α -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' α -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. l' α -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. l' α -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' α -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

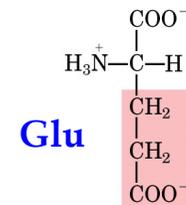
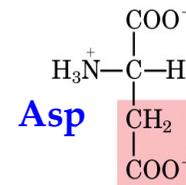
QCM 117 : Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' α -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' α -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' α -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' α -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

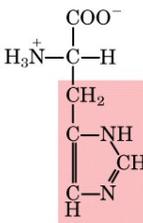
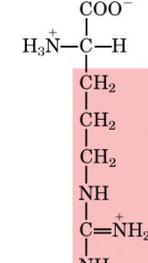
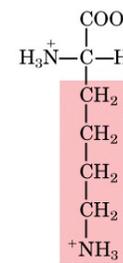
Réponse : BCDE

α -MSH = RSYSMEHFRWGKPVGKK

Chaîne latérale acide



Chaîne latérale basique



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

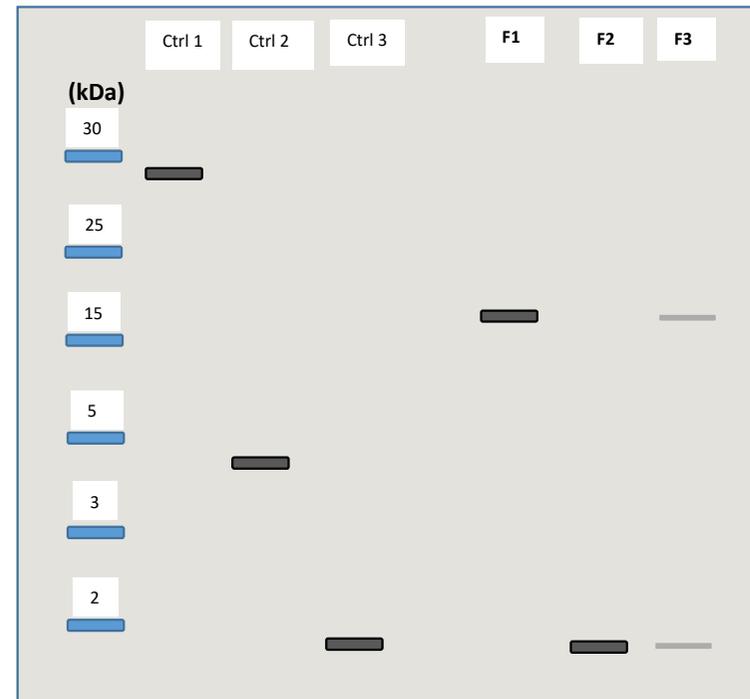
V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

QCM 118

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' α -MSH
- D. L' α -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?
2. Quels sont leur poids moléculaire approximatif ?



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

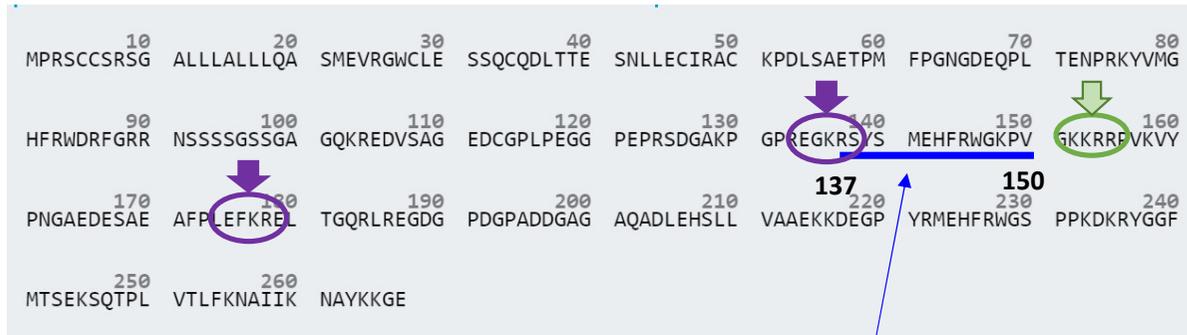
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

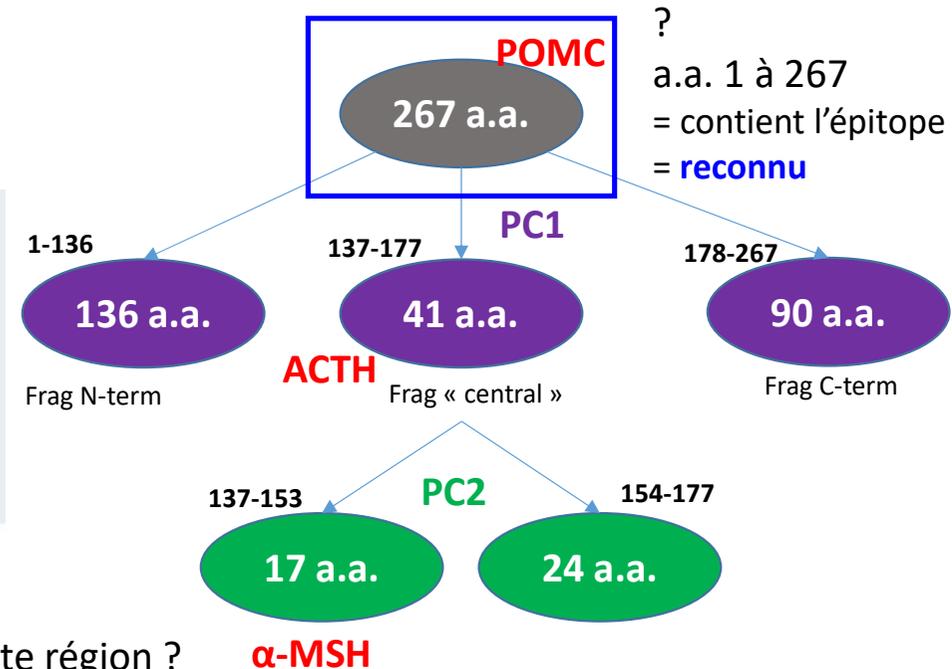
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

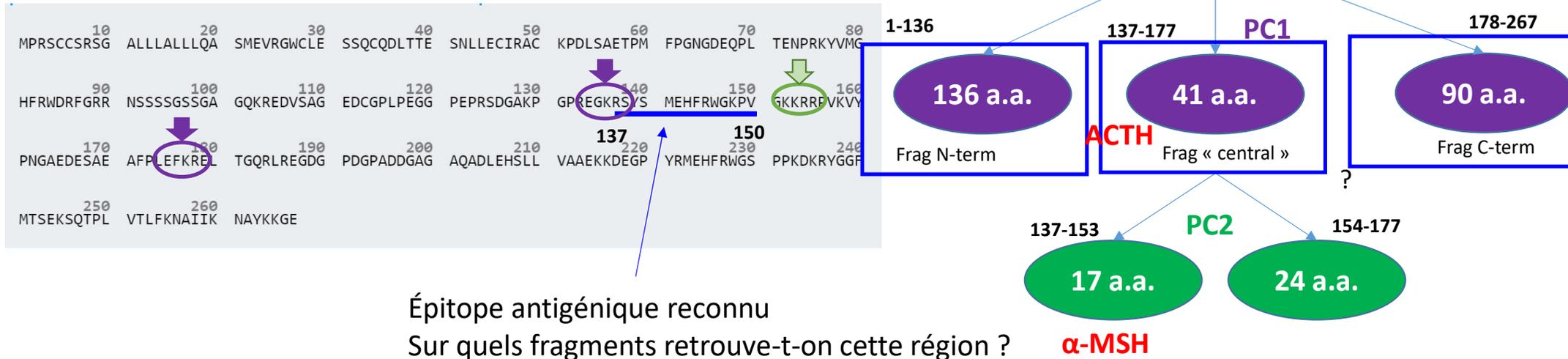
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

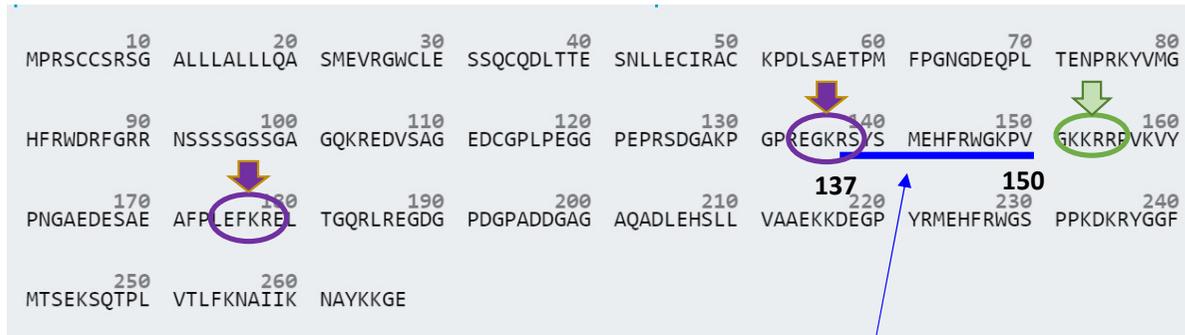
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

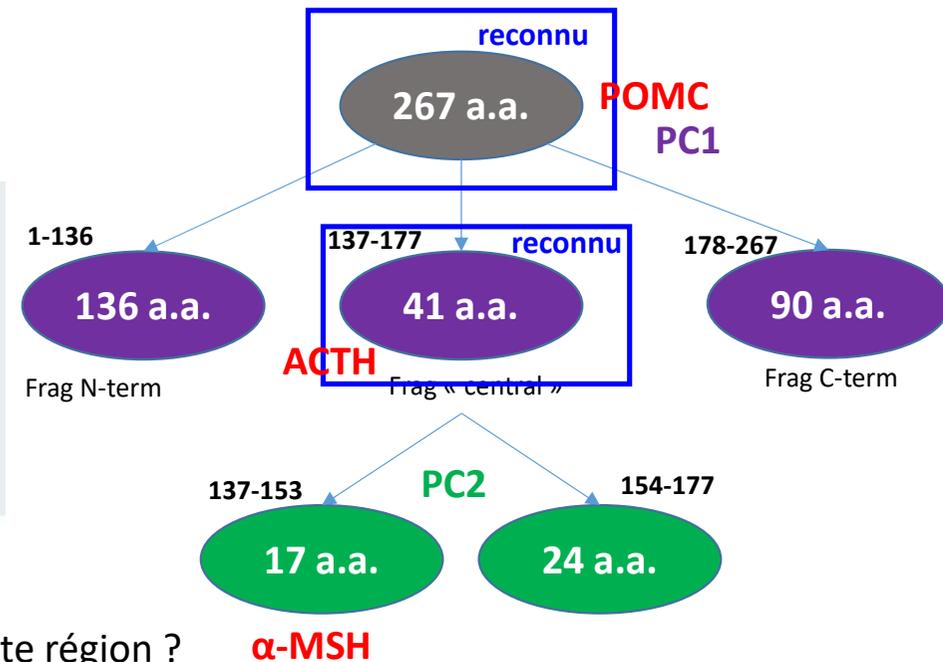
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

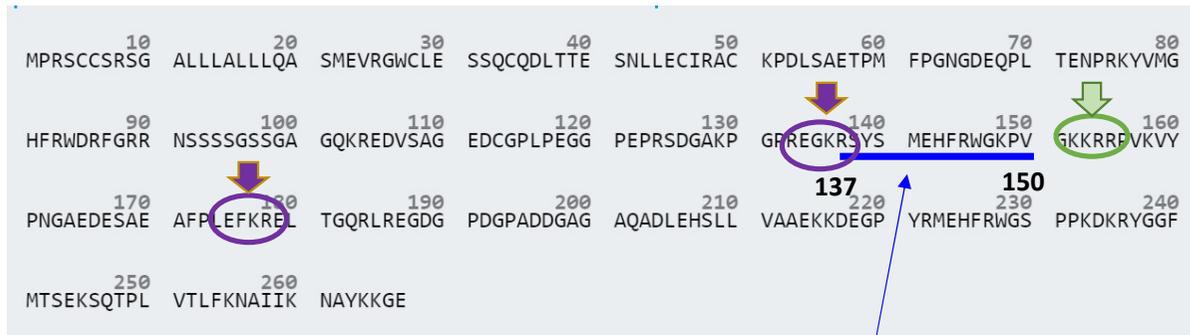
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

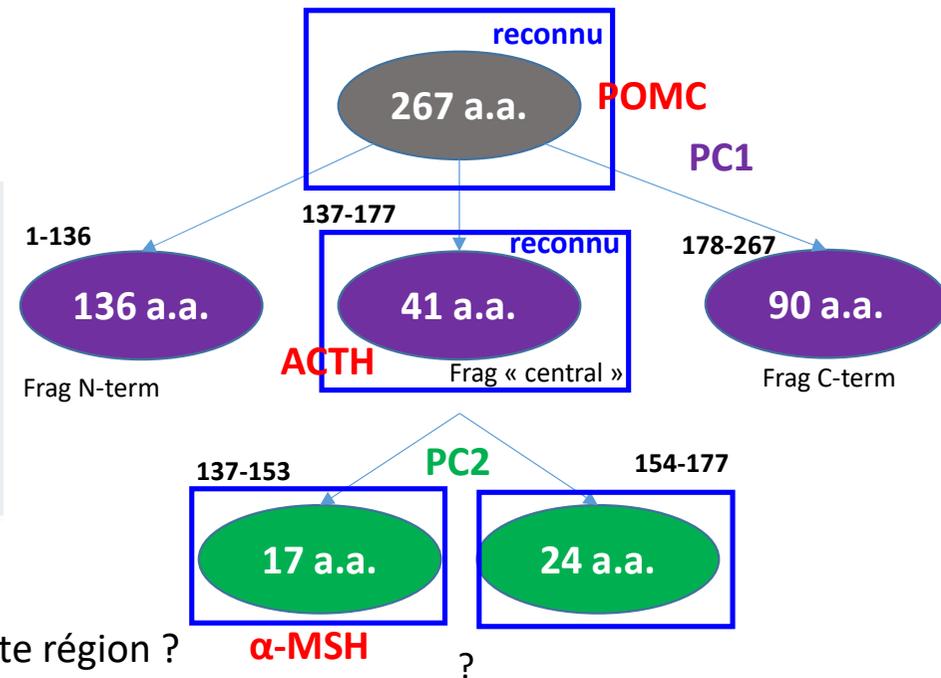
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

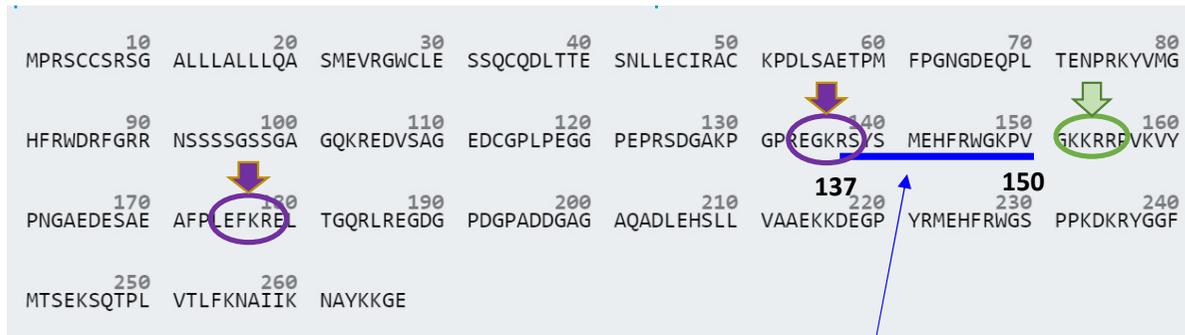
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

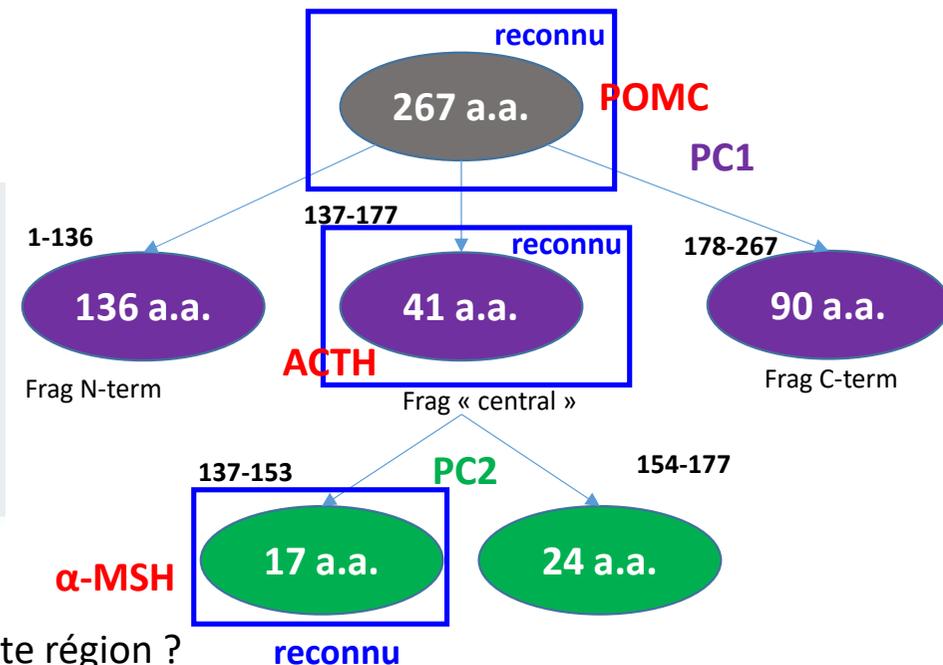
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

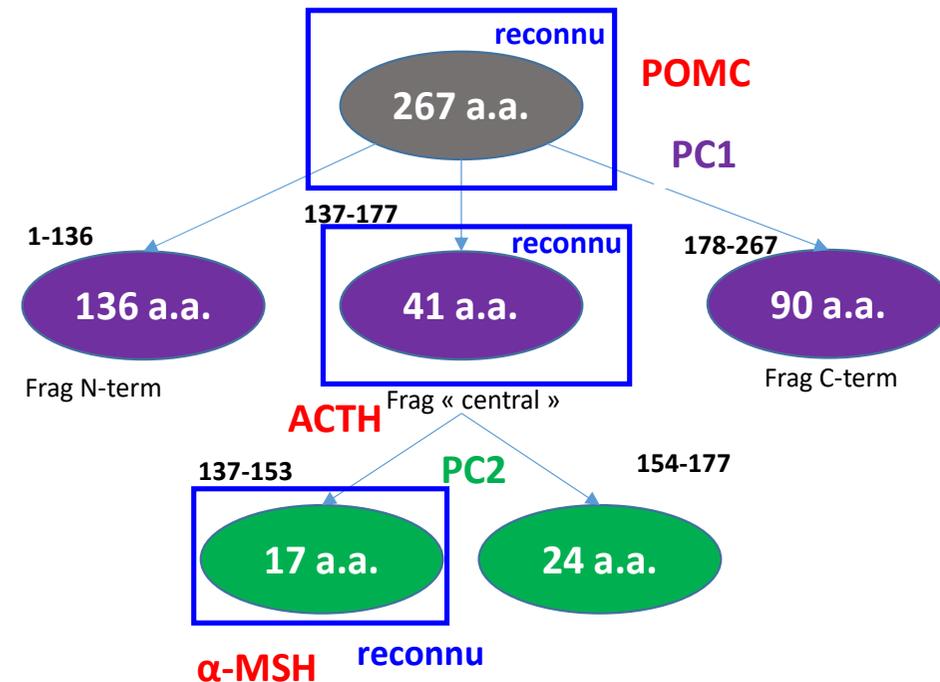
V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?

L'anticorps de détection est capable de reconnaître:

- La **POMC**
- L'**ACTH**
- Et l' **α -MSH**



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

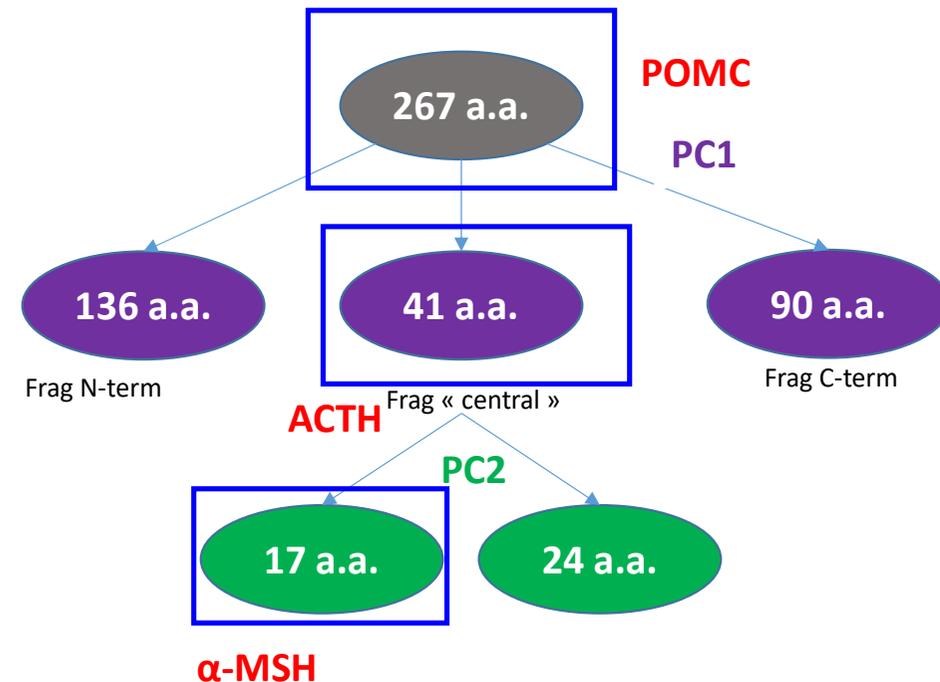
V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?
2. Quels sont leur poids moléculaire approximatifs ?

Poids moléculaire approximatif
d'un peptide/d'une protéine:

$$M_{Da} = \text{Nb(a.a.)} \times 110$$



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

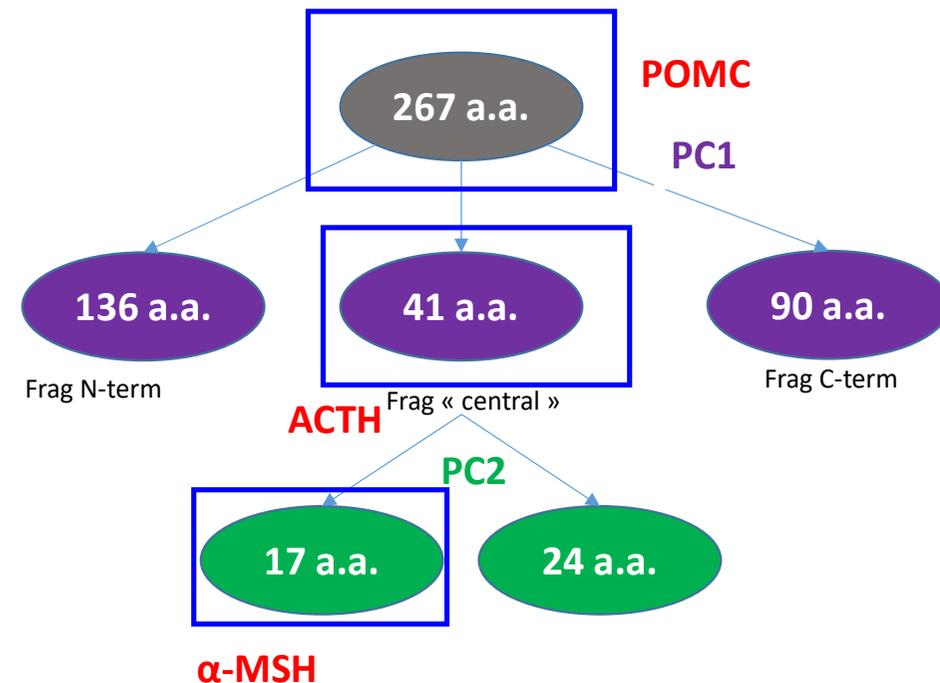
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?
2. Quels sont leur poids moléculaire approximatifs ?

POMC: 267 a.a \rightarrow ~ 29 kDa

ACTH: 41 a.a \rightarrow ~ 4,5 kDa

α -MSH: 17 a.a \rightarrow ~ 1,8 kDa



I-ACIDES AMINES

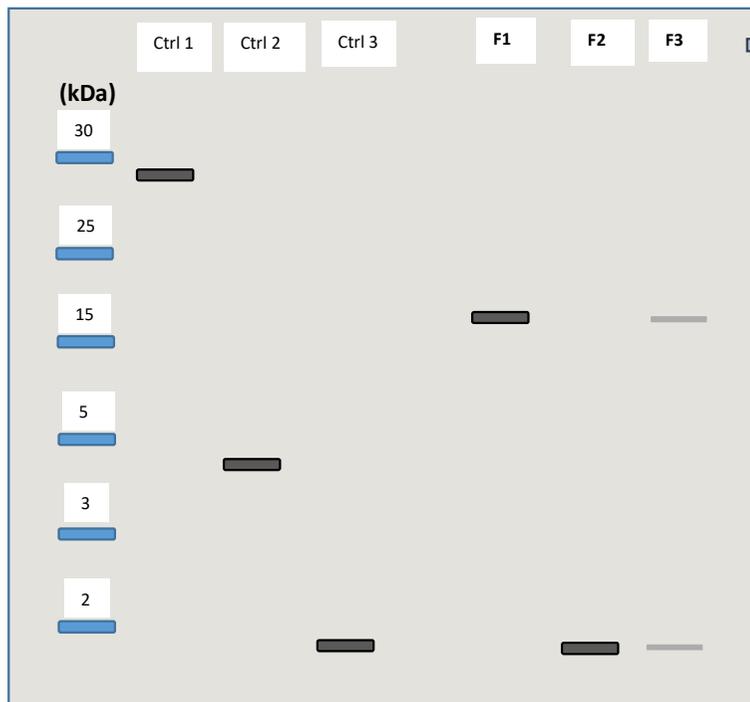
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

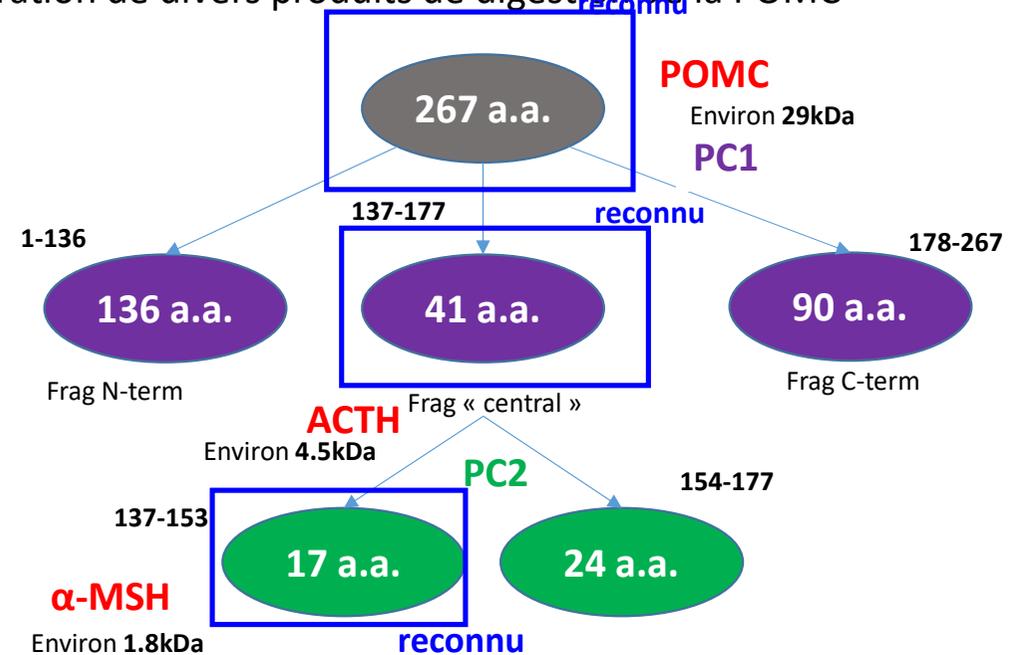
IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC



I-ACIDES AMINES

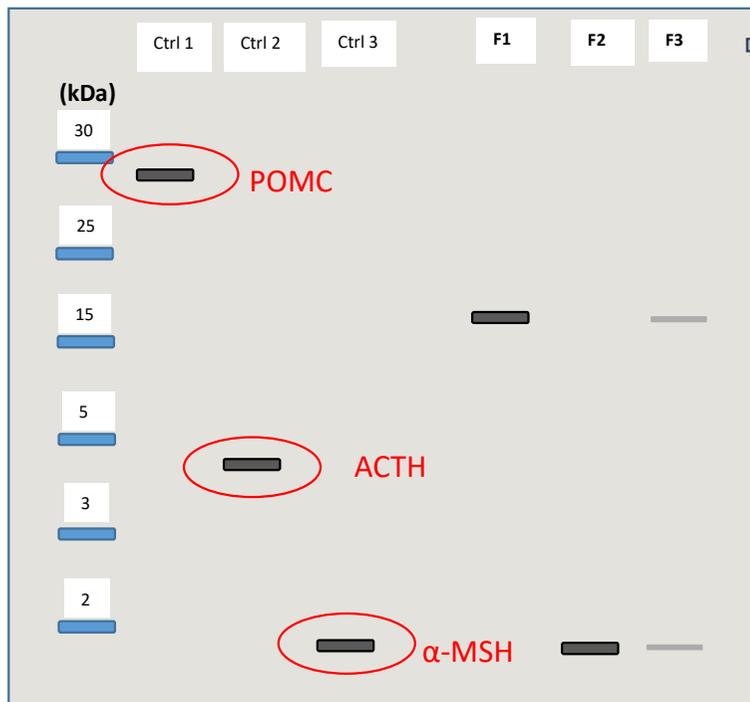
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

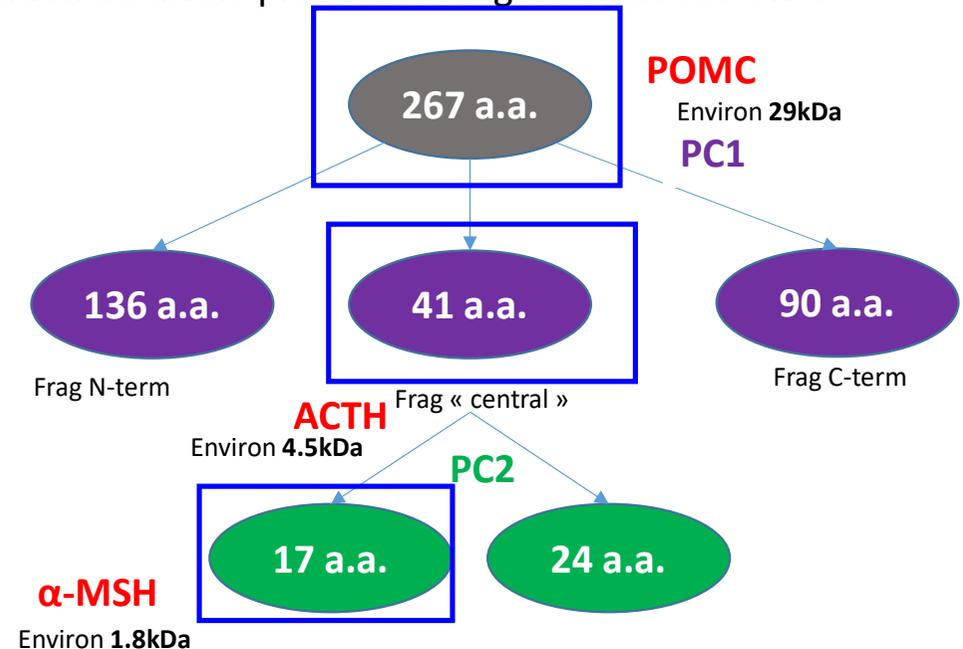
IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC



I-ACIDES
AMINES

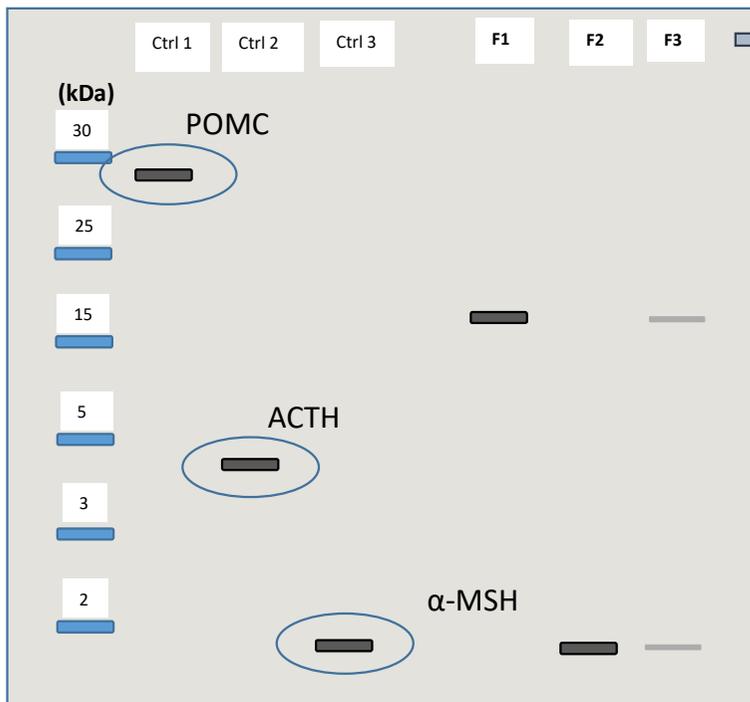
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 118

- La situation contrôle 1 correspond à un peptide **POMC non clivé**
- La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' α -MSH
- L' α -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

I-ACIDES
AMINES

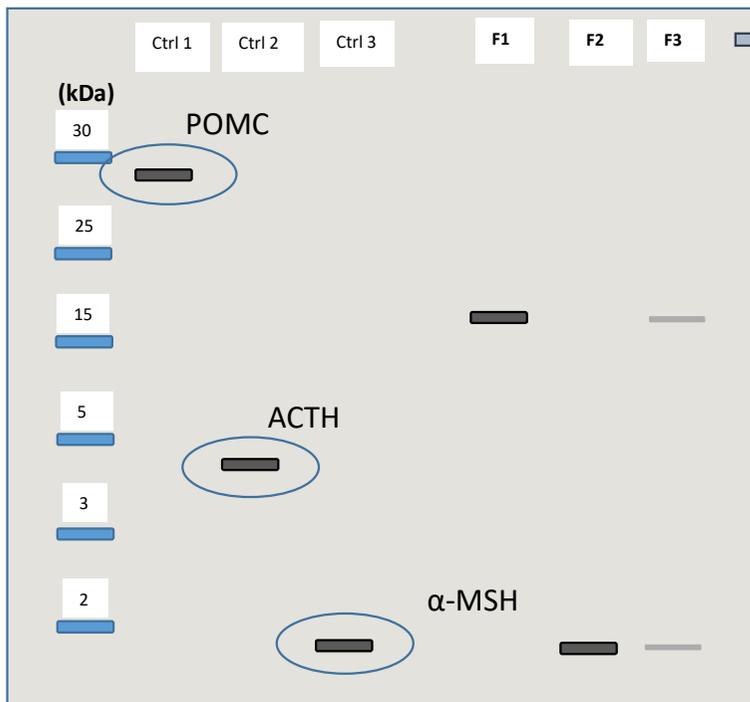
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 118

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' α -MSH
- D. L' α -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

I-ACIDES AMINES

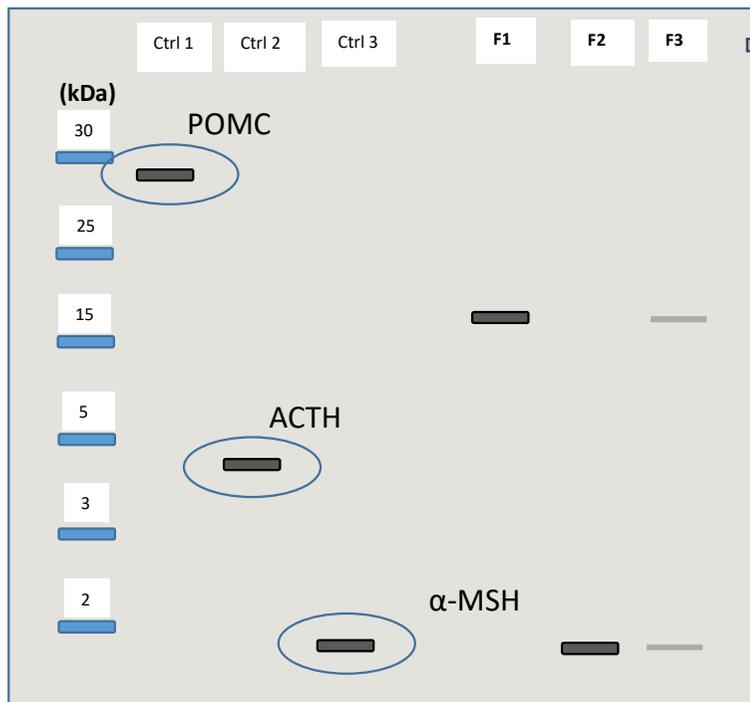
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

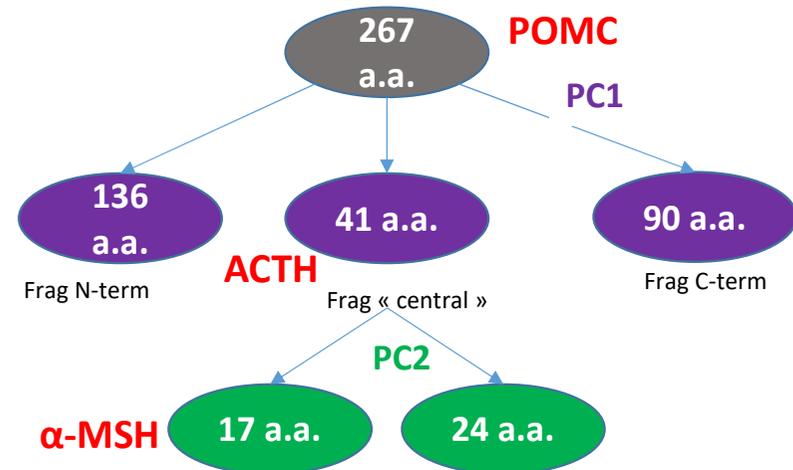
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 118

La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1



I-ACIDES
AMINES

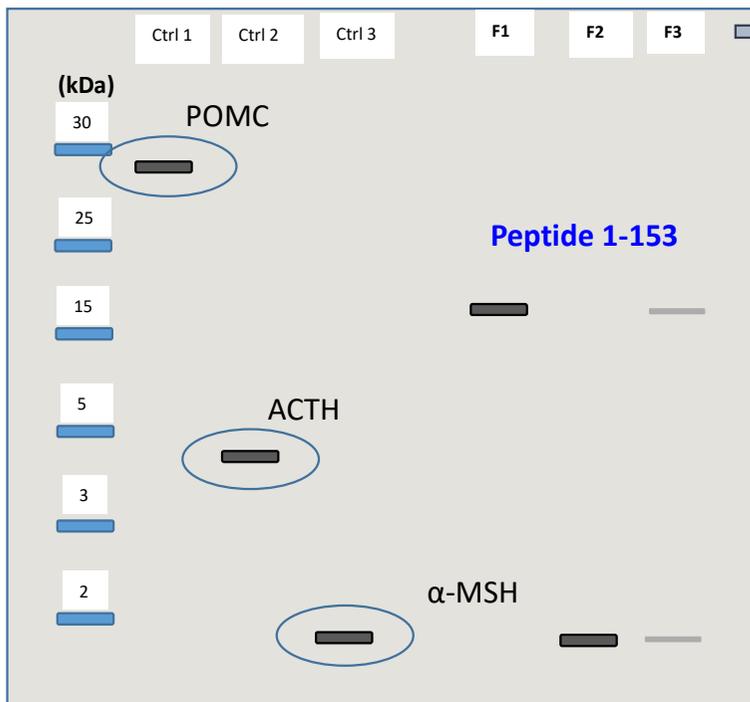
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 118

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' α -MSH
- D. L' α -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

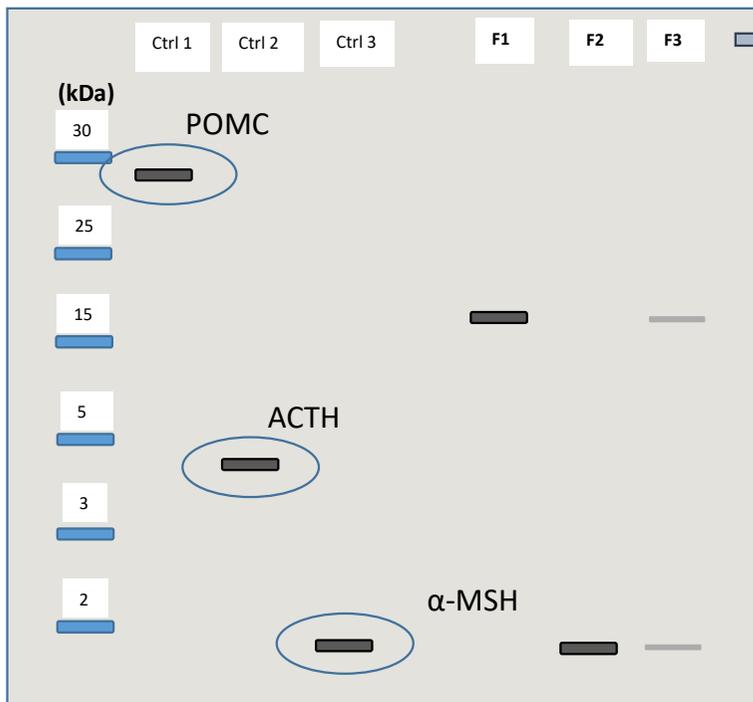
I-ACIDES
AMINES**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 118

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' α -MSH
- D. L' α -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

= migration au travers d'un gel de polyacrylamide (SDS-PAGE)

= plus le poids moléculaire est faible, plus le composé migre loin

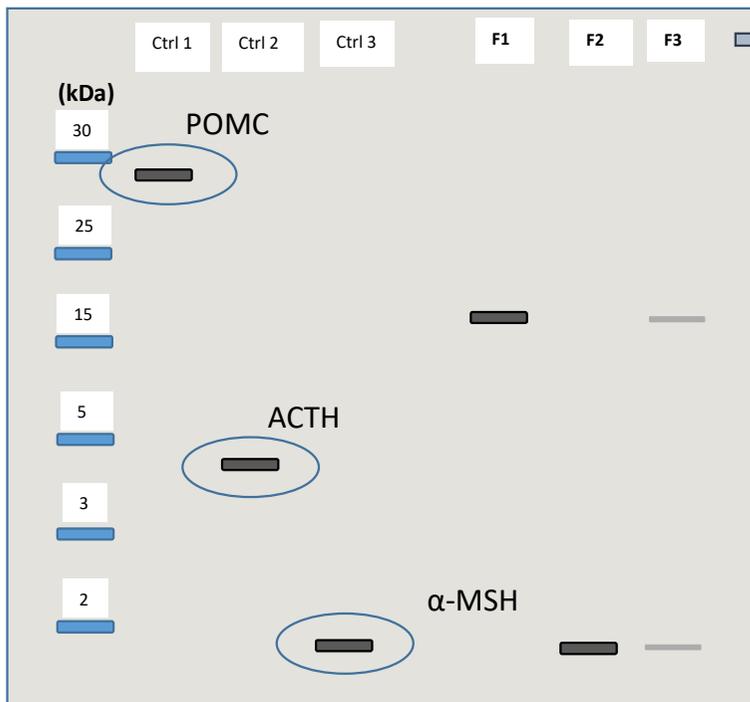
I-ACIDES
AMINES**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 118

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' α -MSH
- D. L' α -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

I-ACIDES AMINES

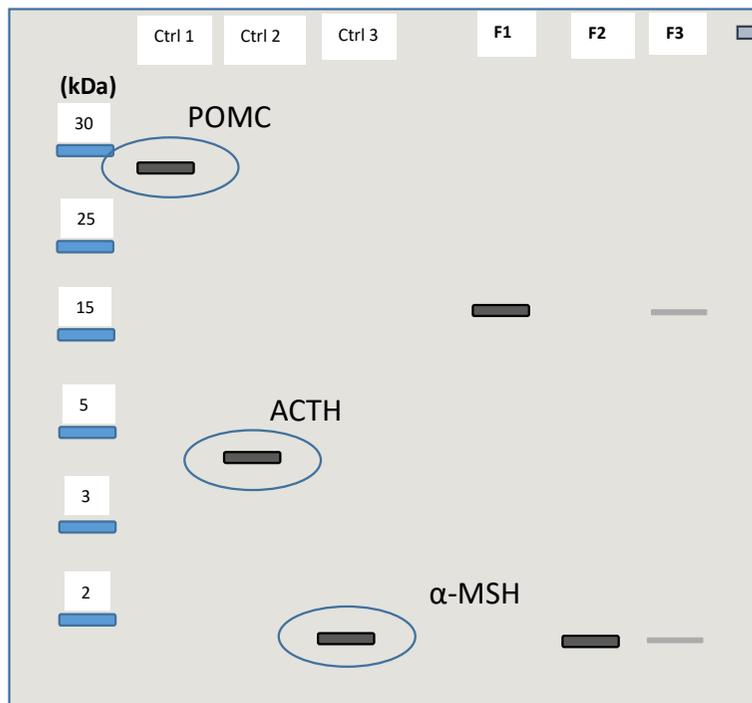
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

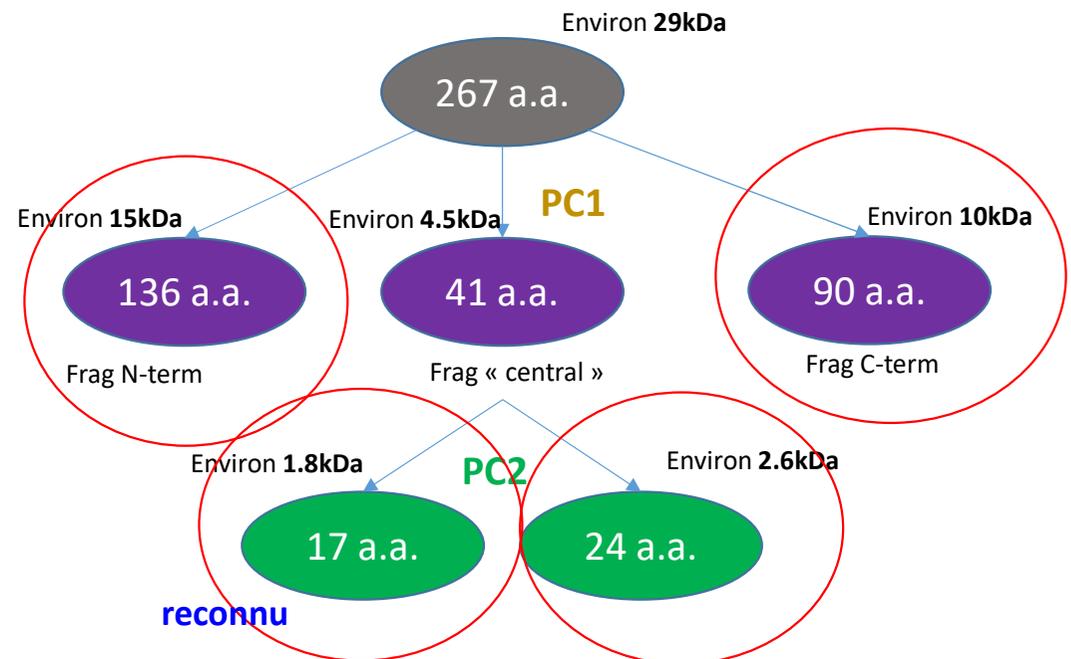
IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC



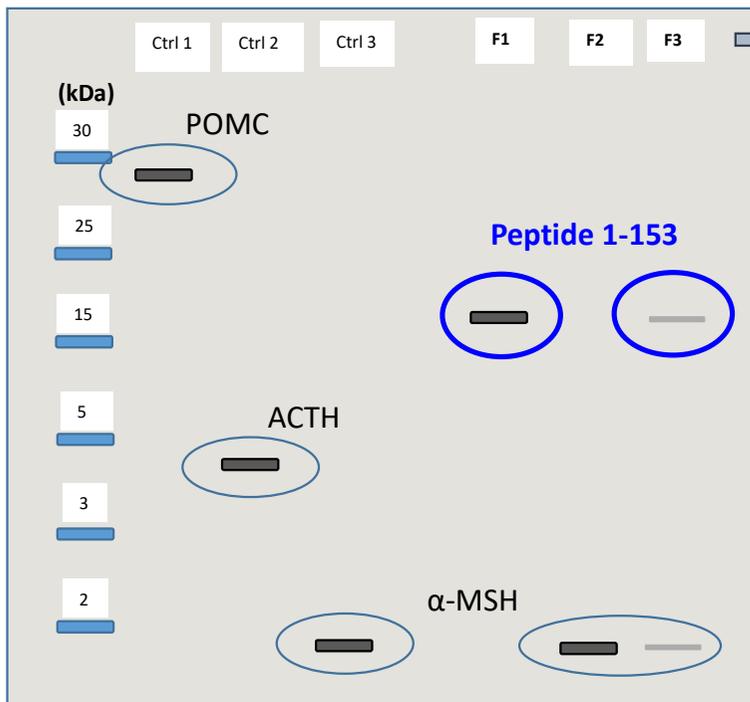
I-ACIDES
AMINES**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

**QCM 118**

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' α -MSH
- D. L' α -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

Réponse : ACDE

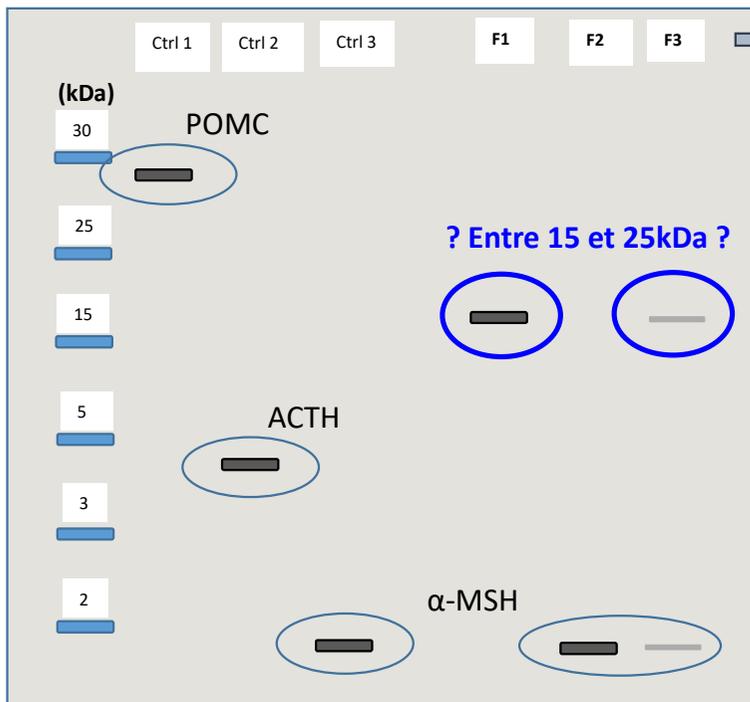
I-ACIDES
AMINES**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

**QCM 119**

- A. Le **variant F1** de la PC1 a **perdu toute activité**
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

I-ACIDES AMINES

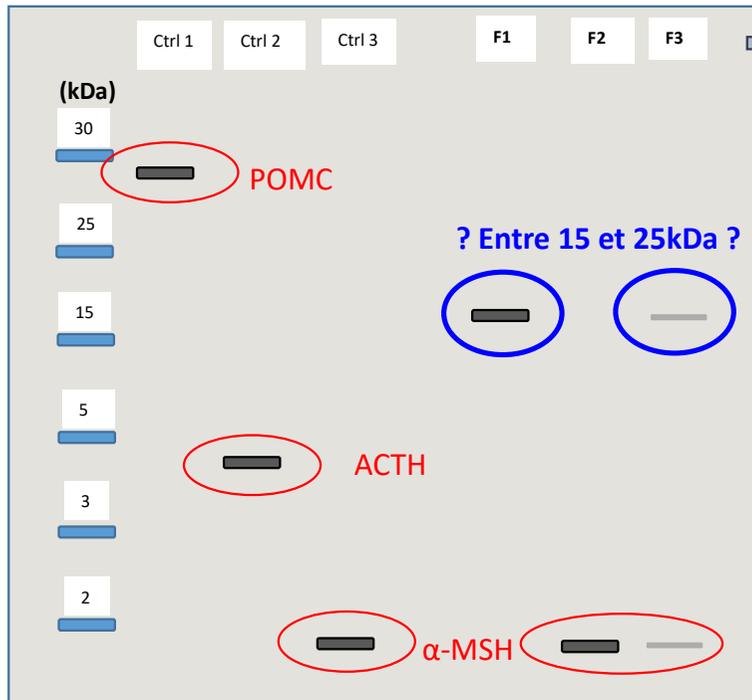
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée **est totalement inactive ?**

MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
HFRWDRFGRR	NSSSSGSSGA	GQKREDSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPREGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVV
PNGAEDESAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

I-ACIDES AMINES

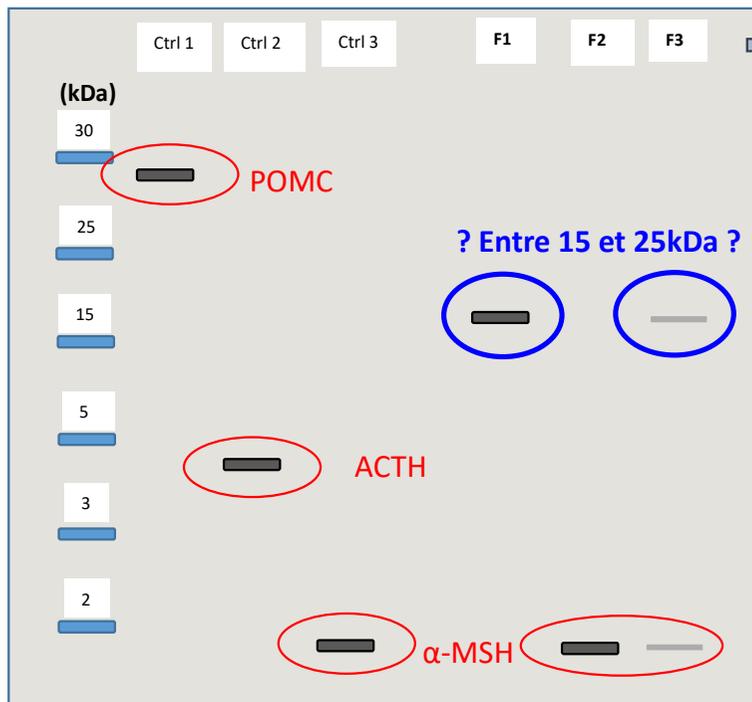
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

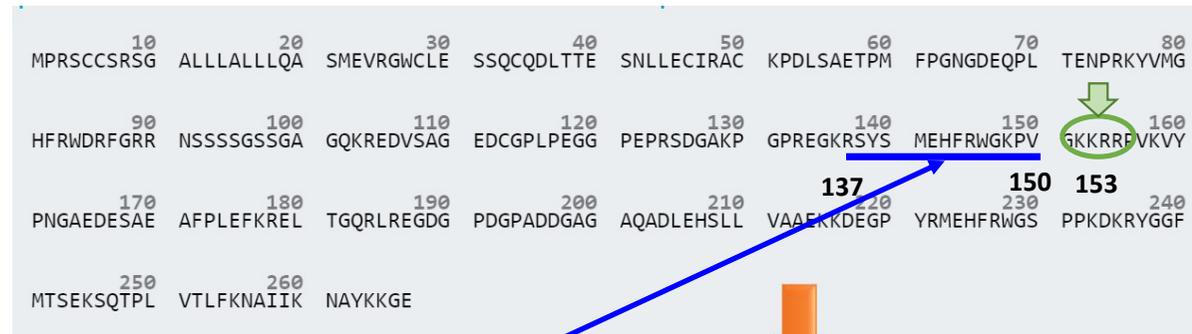
V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée est **totale**ment inactive ?



a.a reconnus par l'anticorps

PC2 est capable de cliver la POMC en **deux** fragments

I-ACIDES AMINES

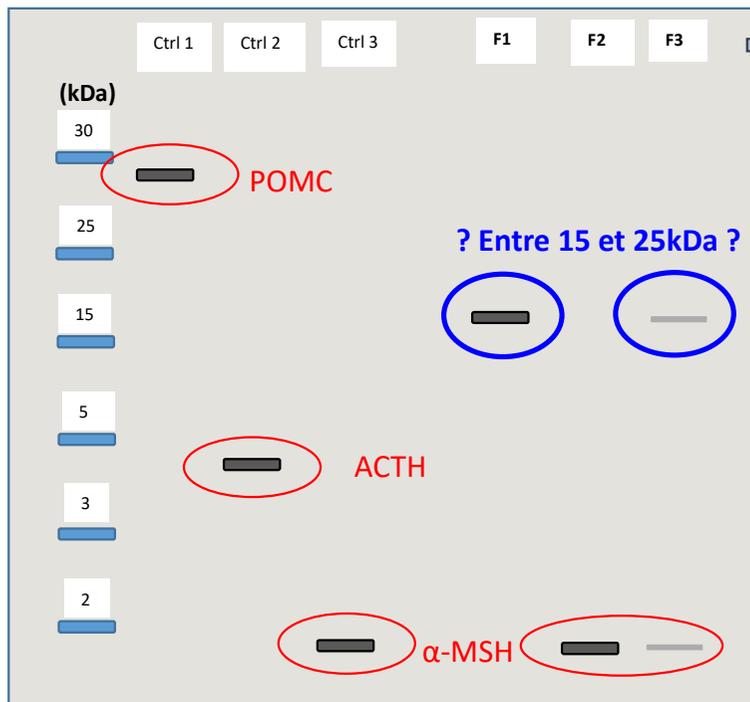
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

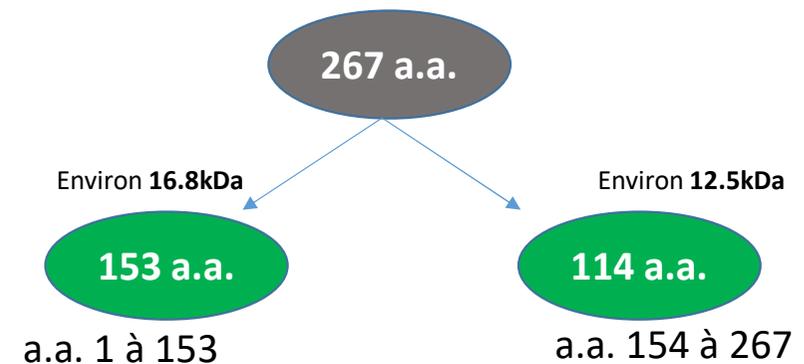
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la [région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée est **totalemment inactive** ?

PC2 est capable de cliver la POMC en **deux fragments**



I-ACIDES AMINES

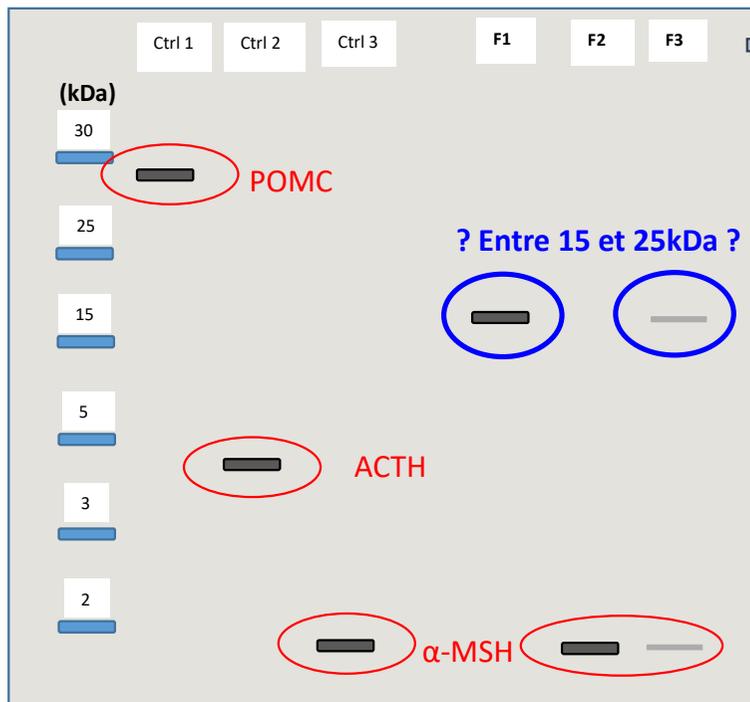
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

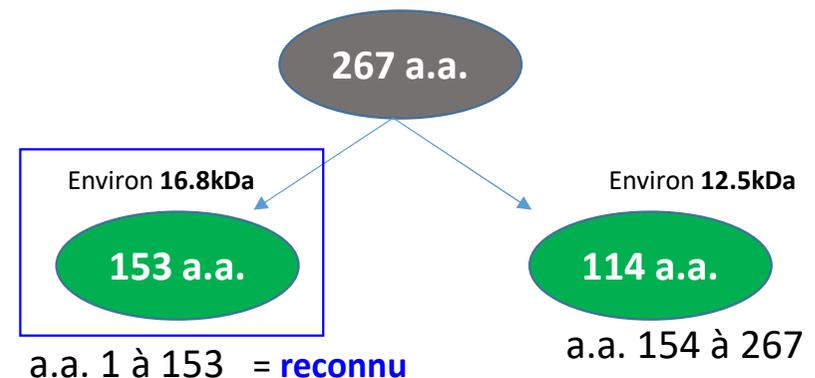
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la **région des a.a. 137 à 150**, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée est **totalemt inactive** ?

PC2 est capable de cliver la POMC en **deux fragments**



I-ACIDES AMINES

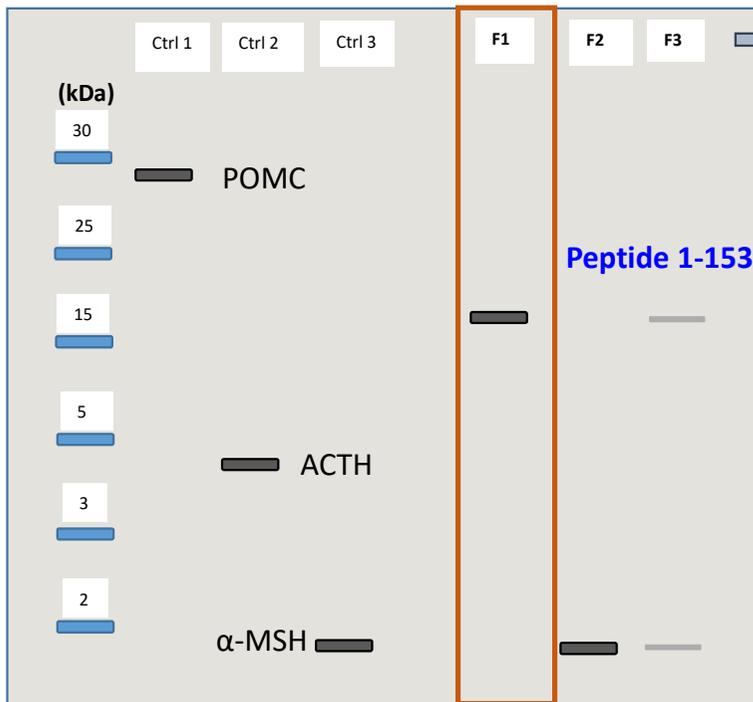
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 119

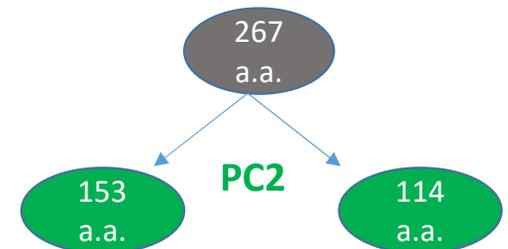
- A. Le variant F1 de la PC1 a **perdu toute activité**
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

On étudie le profil au niveau du puits F1 :

Présence de la bande correspondant au

peptide 1-153

Absence d'ACTH, absence d' α -MSH
= clivage seul de la PC2 = **PC1 inactive**



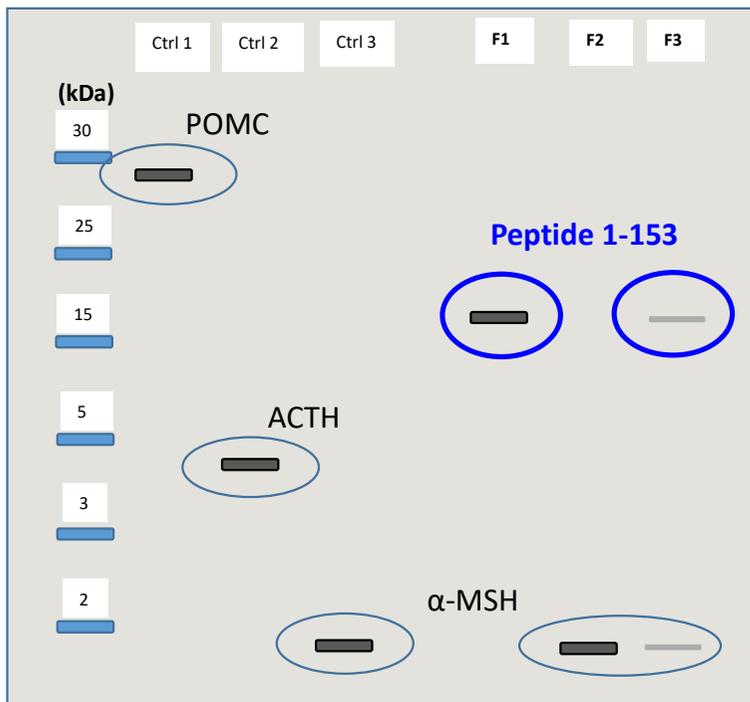
I-ACIDES
AMINES**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

F3 = situation mixte avec du peptide 1-153 et de l' α -MSH
= il existe un **clivage par la PC1 de moindre intensité.**

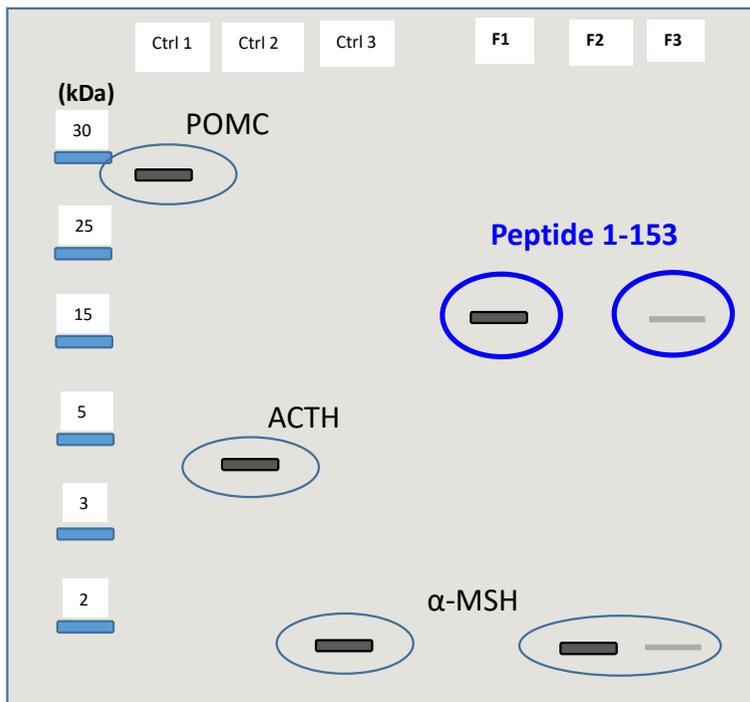
I-ACIDES
AMINES**II-PEPTIDES**

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que **le variant F3** a une **meilleure activité que le variant F2**
- E. Aucune des propositions n'est exacte

F2 = forme pleinement active
F3 = forme moins active
= c'est l'inverse

I-ACIDES
AMINES

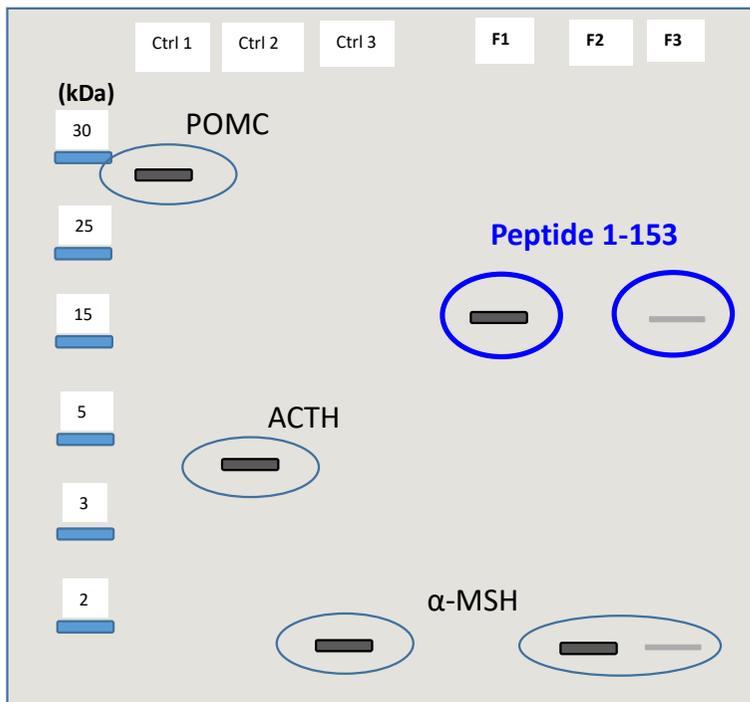
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' α -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

Réponse : ABC

I-ACIDES
AMINES

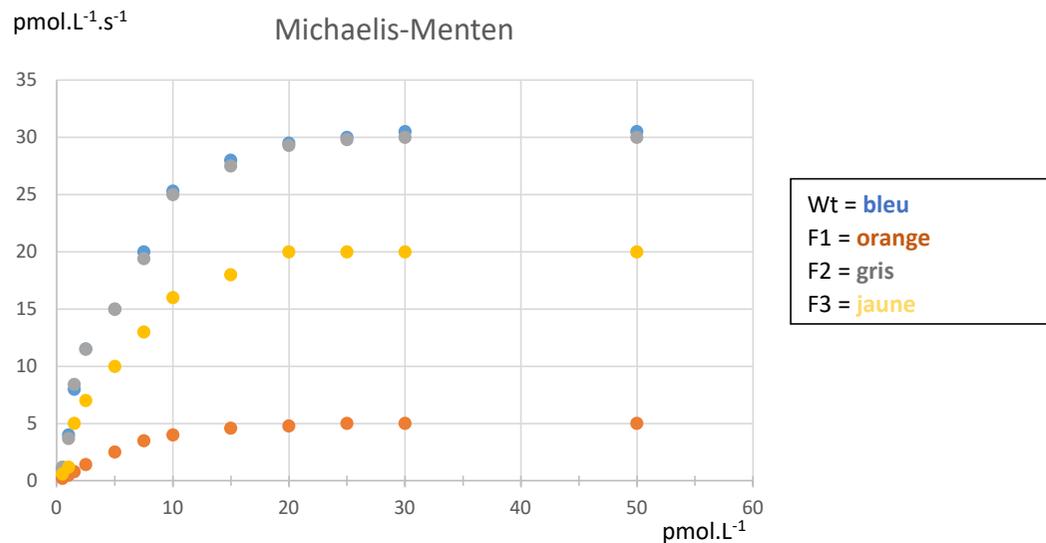
II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des **études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH** par les différentes formes de PC1, **enzyme michaelienne**. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten



QCM 120

A- L'axe des abscisses exprime une **concentration d'ACTH**

B- L'axe des ordonnées exprime une **vitesse de formation d'ACTH**

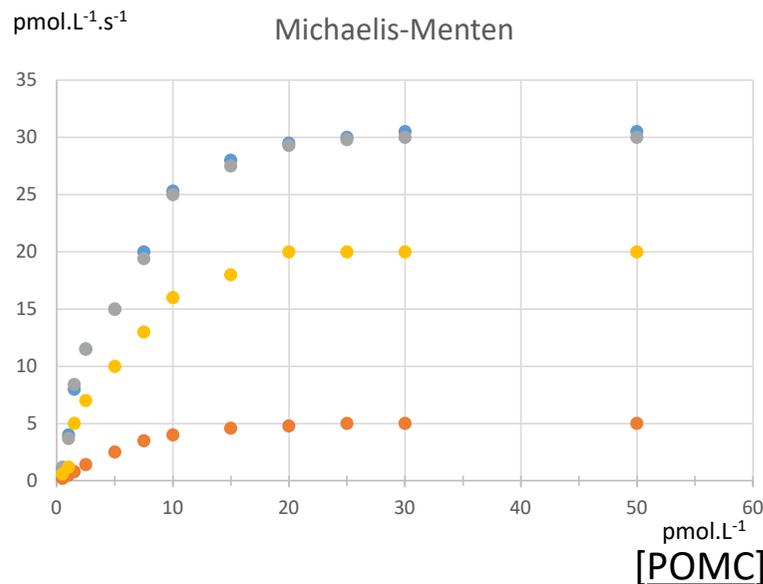
C- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés

D- Au-delà de 25 pmol.L⁻¹ de substrat, on est en cinétique d'ordre 1

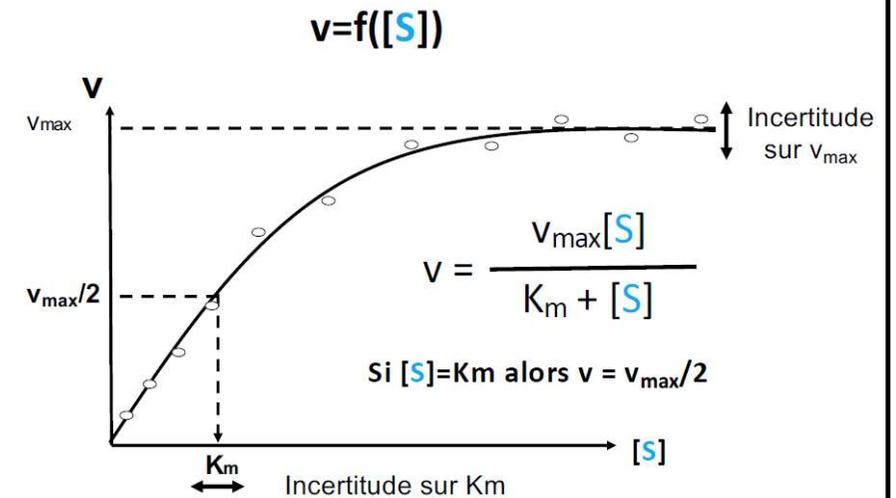
E- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, la relation $y=f(x)$ est une relation linéaire.

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



2 Représentation de Michaelis-Menten



V_{max} et K_m ne sont pas déterminés avec précision

Axe des abscisses = $[S]$ = concentration en substrat ? → Concentration de POMC en pmol.L^{-1}
 Axe des ordonnées = v = vitesse réactionnelle ? → vitesse de formation d'ACTH en $\text{pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

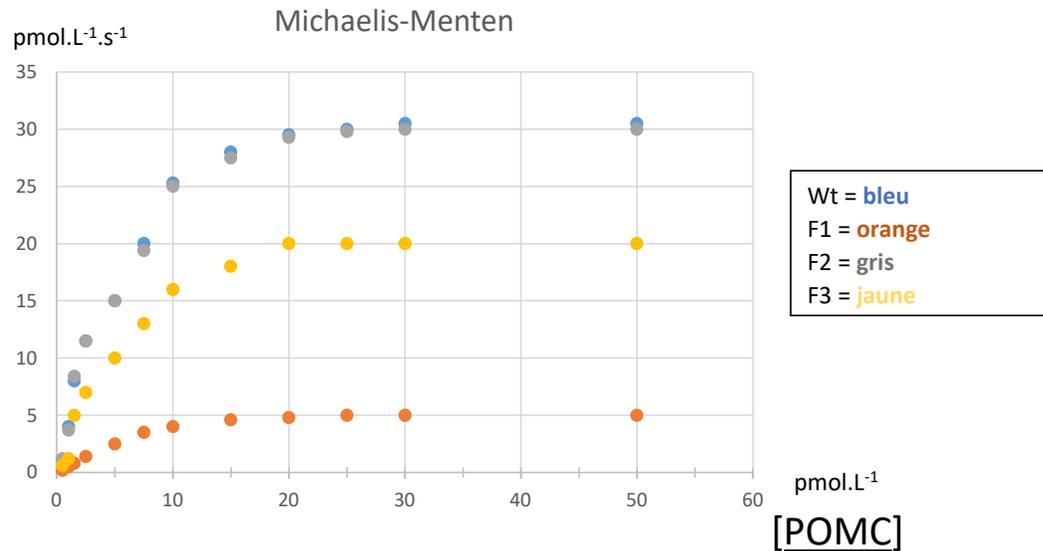
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



QCM 120

- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH
- C- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L⁻¹ de substrat, on est en cinétique d'ordre 1
- E- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, la relation $y=f(x)$ est une relation linéaire.

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

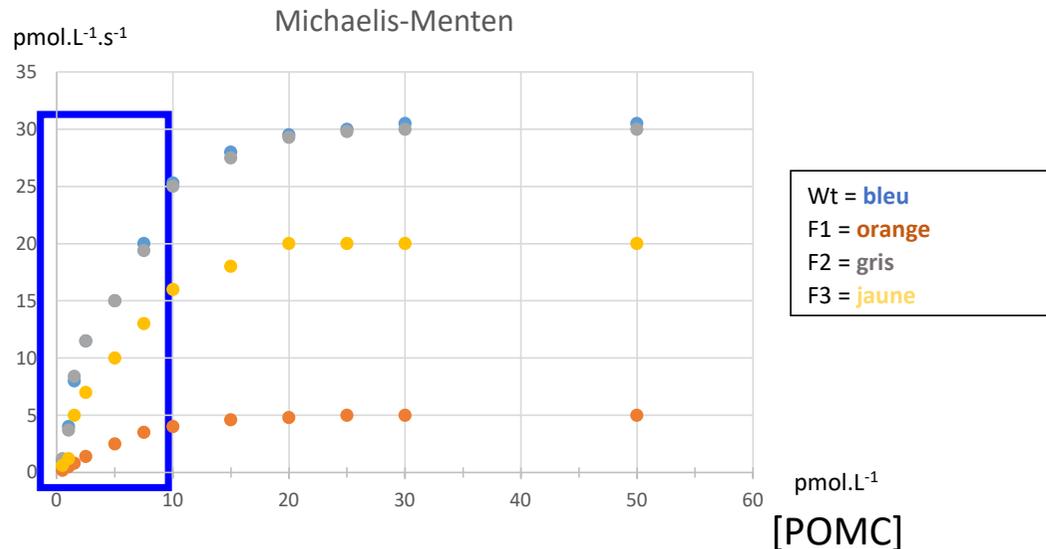
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



QCM 120

- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH
- C- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L⁻¹ de substrat, on est en cinétique d'ordre 1
- E- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, la relation y=f(x) est une relation linéaire.

= les concentrations en substrat sont faibles (de l'ordre ou inférieur au Km)
 = la vitesse de formation évolue de façon proportionnelle avec la concentration en substrat = relation linéaire

$$v = \frac{v_{\max}[S]}{K_m + [S]}$$

⇒ cinétique d'ordre 1

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

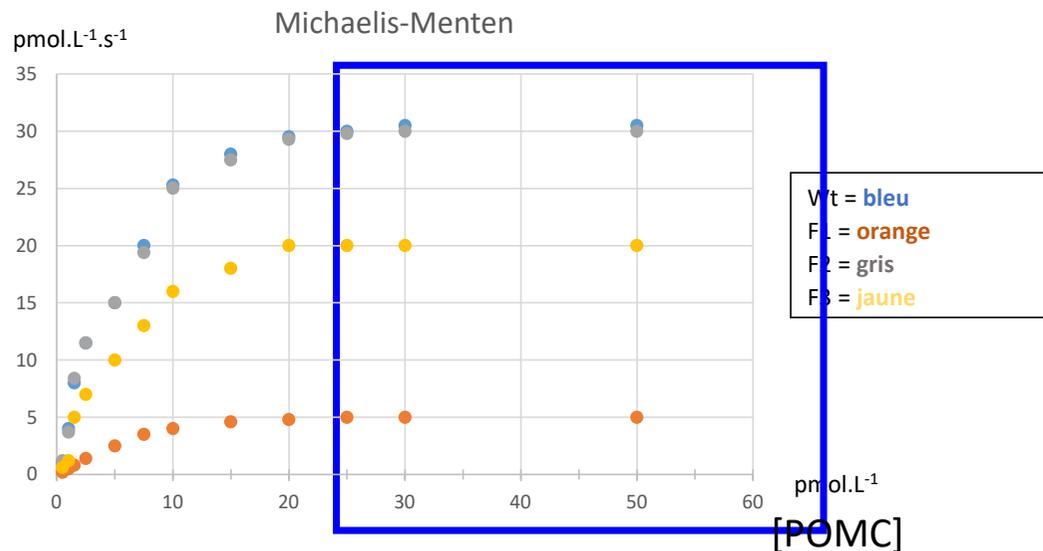
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



QCM 120

- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH
- C- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L⁻¹ de substrat, on est en cinétique d'ordre 1
- E- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, la relation $y=f(x)$ est une relation linéaire.

= les concentrations en substrat sont très fortes (*bien supérieures au K_m*)
= enzyme saturée par son substrat = sites catalytiques 100% occupés
La K_m devient négligeable par rapport à $[S]$ = V devient environ égale à V_{max}

Si $[S] \gg K_m$ alors $v = v_{max}$
 \Rightarrow cinétique d'ordre 0

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

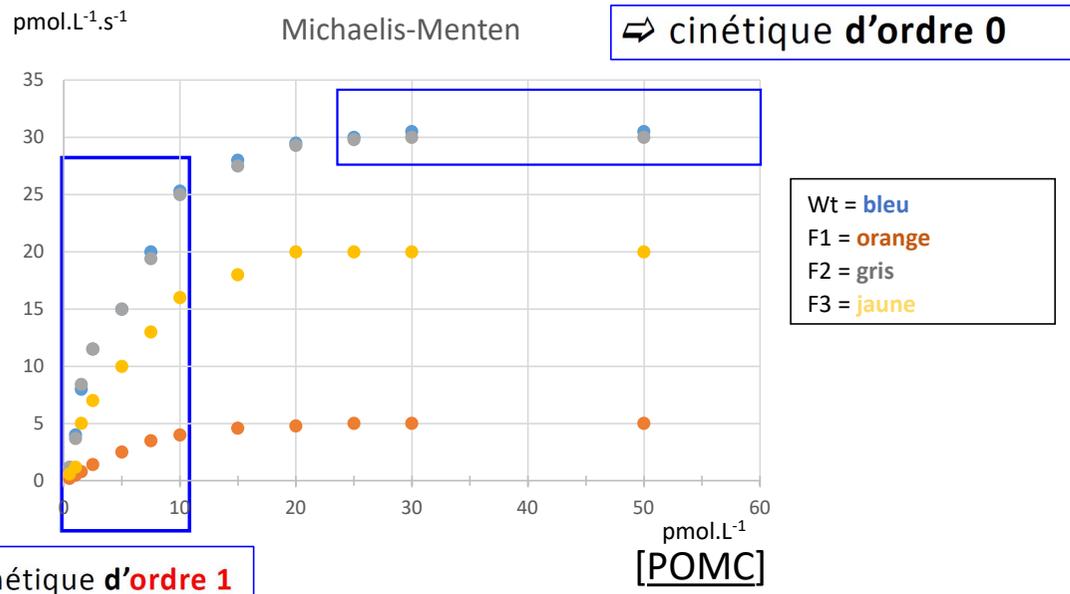
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



QCM 120

- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH
- C- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L⁻¹ de substrat, on est en cinétique d'ordre 1
- E- Entre 0 et 10 pmol.L⁻¹ de substrat, la relation $y=f(x)$ est une relation linéaire.

Réponse : BE

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

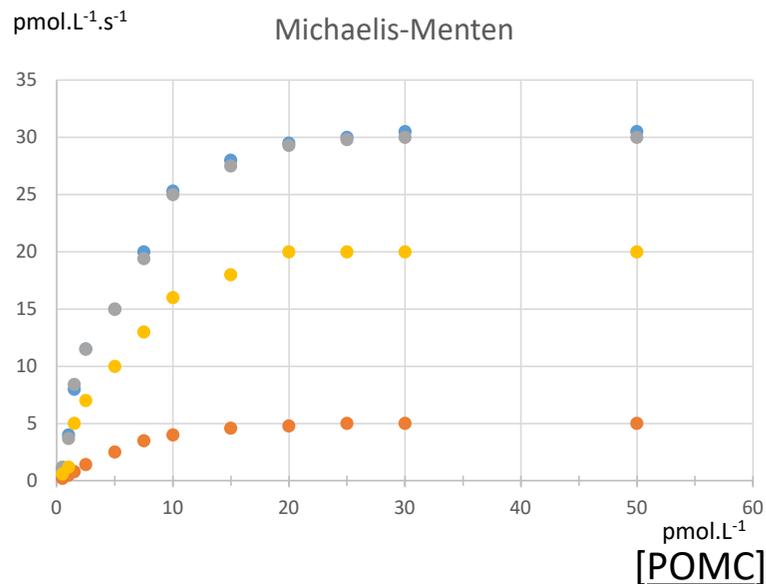
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



QCM 121

- A- La forme **F3** a une **vitesse maximale supérieure à la forme F2**
- B- La forme sauvage et F1 ont des propriétés michaeliennes équivalentes
- C- La forme F3 a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage
- D- La forme F2 a une $V_{max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$
- E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

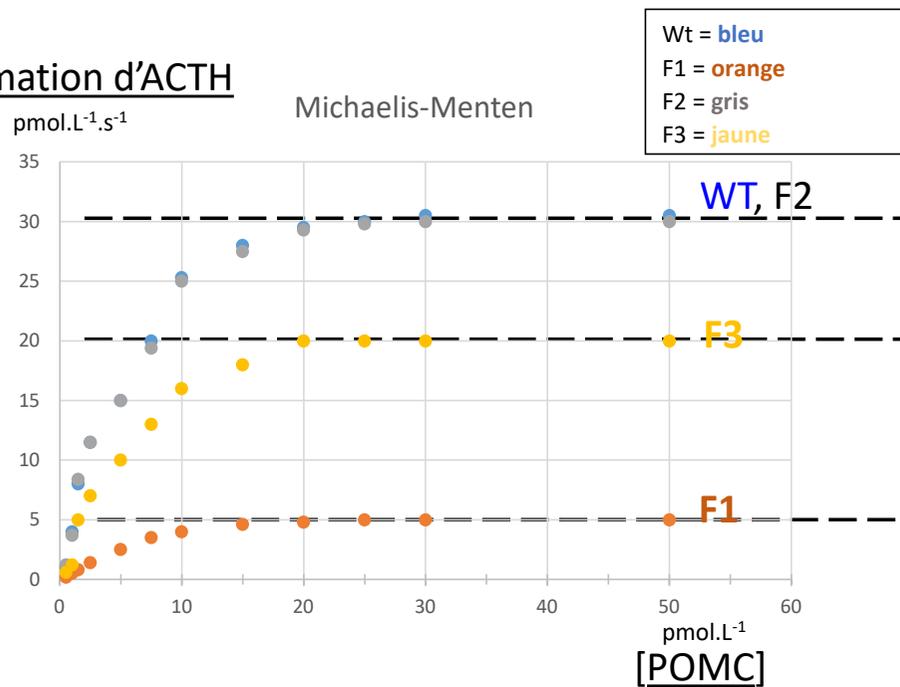
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



$$V_{\max_{wt}} = V_{\max_{F2}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F3}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F1}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

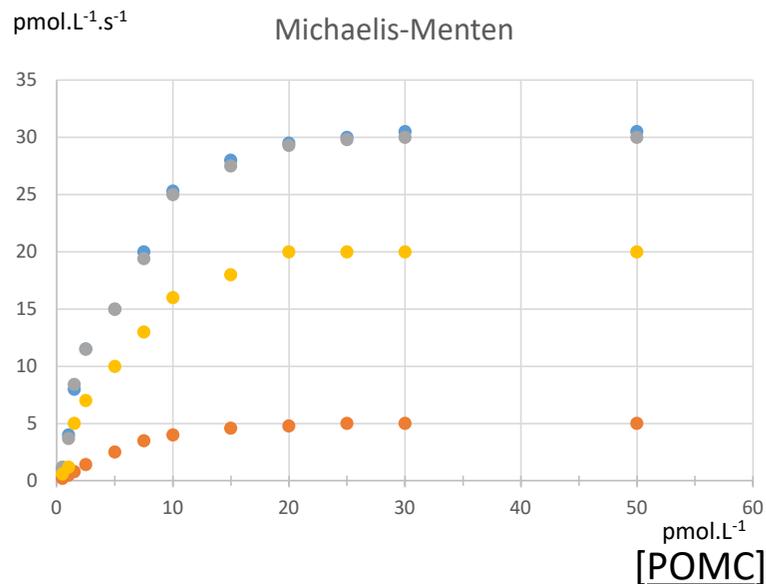
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



QCM 121

A- La forme **F3** a une **vitesse maximale supérieure à la forme F2**

B- La forme **sauvage et F1** ont **des propriétés michaeliennes équivalentes**

C- La forme F3 a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage

D- La forme F2 a une $V_{max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$

E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

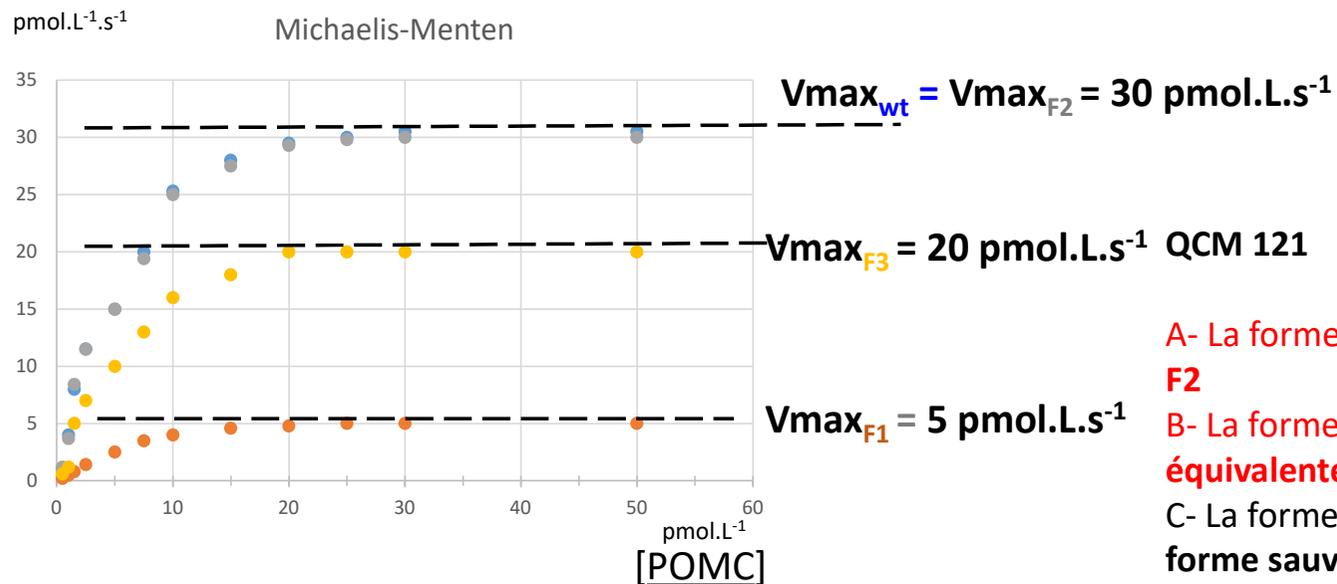
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



A- La forme **F3** a une **vitesse maximale supérieure à la forme F2**

B- La forme **sauvage et F1** ont des **propriétés michaeliennes équivalentes**

C- La forme **F3** a une **affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage**

D- La forme F2 a une $V_{max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$

E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

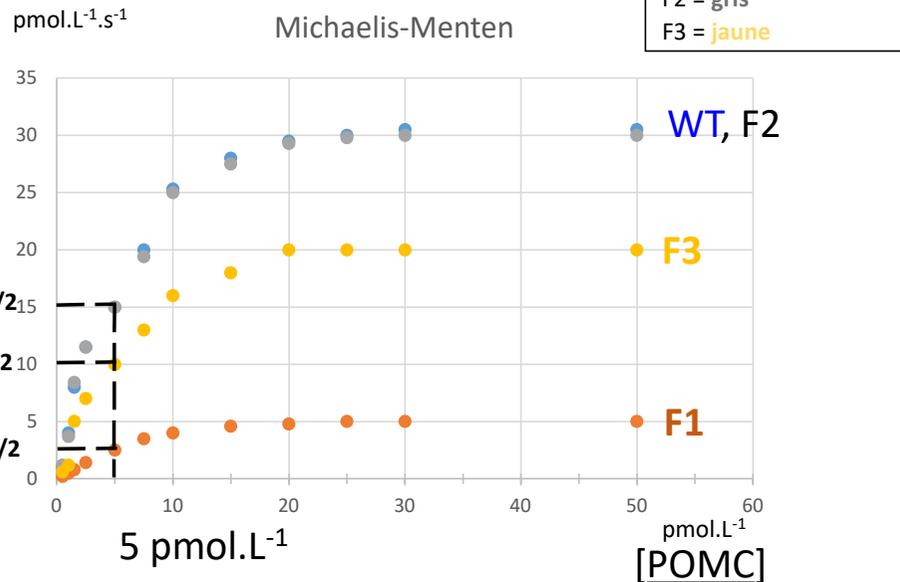
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



$$V_{\max_{wt}} = V_{\max_{F2}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F3}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F1}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

K_m = concentration en substrat pour laquelle
 $v = V_{\max} / 2$

Si $[S] = K_m$ alors $v = v_{\max} / 2$

$$K_{m_{wt}} = K_{m_{F2}} = K_{m_{F3}} = K_{m_{F1}} = 5 \text{ pmol.L}^{-1}$$



F1, F2 et F3 ont la même affinité que la WT pour le substrat

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

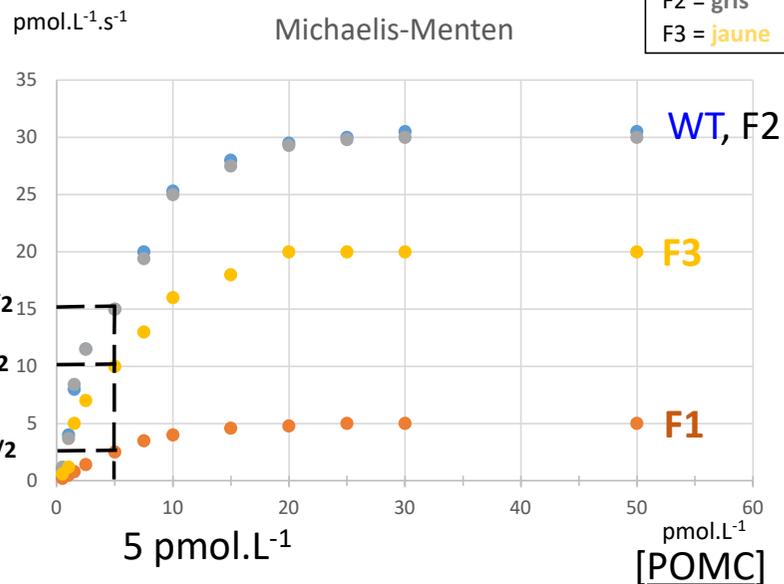
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{\max_{wt}} = V_{\max_{F2}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F3}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F1}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$K_{m_{wt}} = K_{m_{F2}} = K_{m_{F3}} = K_{m_{F1}} = 5 \text{ pmol.L}^{-1}$$

QCM 121

A- La forme **F3** a une vitesse maximale **supérieure à la forme F2**

B- La forme **sauvage et F1** ont des **propriétés michaeliennes équivalentes**

C- La forme **F3** a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage

D- La forme **F2** a une **Vmax = 20 pmol.L⁻¹.s⁻¹**

E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

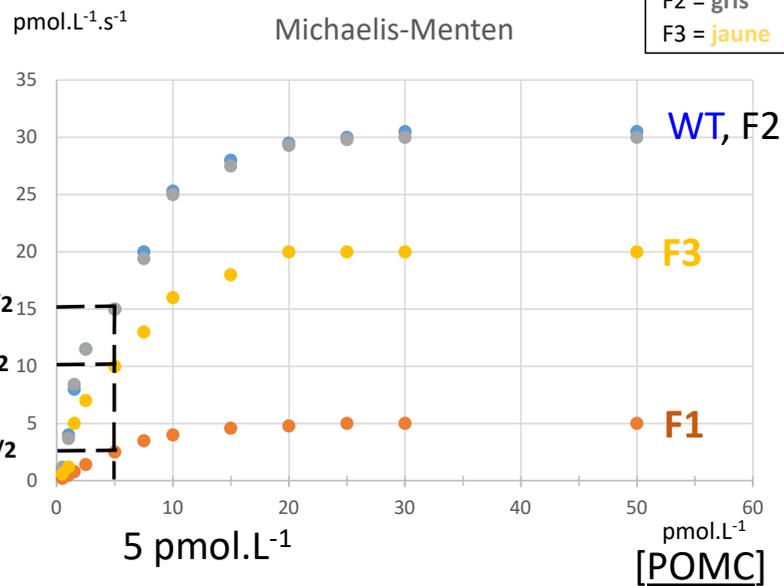
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{max_{wt}} = V_{max_{F2}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{max_{F3}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{max_{F1}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$K_{m_{wt}} = K_{m_{F2}} = K_{m_{F3}} = K_{m_{F1}} = 5 \text{ pmol.L}^{-1}$$

QCM 121

- A- La forme **F3** a une vitesse maximale **supérieure à la forme F2**
- B- La forme **sauvage et F1** ont des **propriétés michaeliennes équivalentes**
- C- La forme F3 a **une affinité pour la POMC** inférieure à la forme sauvage
- D- La forme F2 a une $V_{max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$
- E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

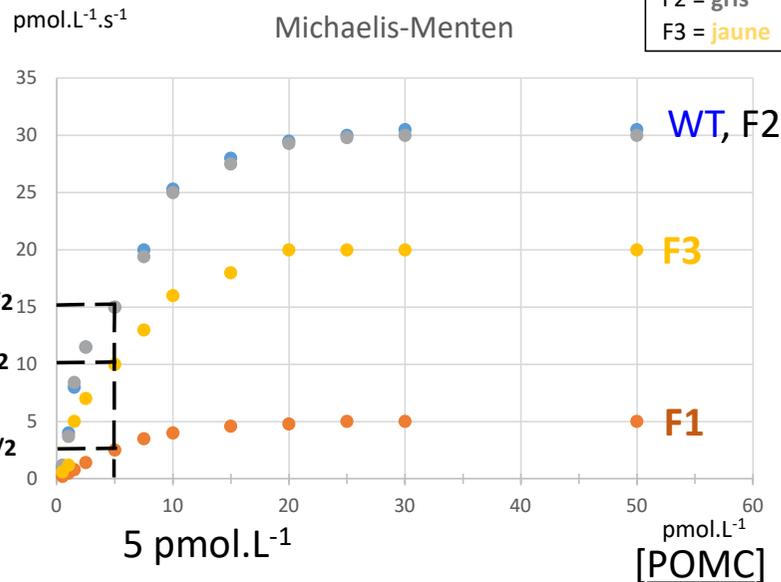
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

Formation d'ACTH



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{max_{wt}} = V_{max_{F2}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{max_{F3}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{max_{F1}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$K_{m_{wt}} = K_{m_{F2}} = K_{m_{F3}} = K_{m_{F1}} = 5 \text{ pmol.L}^{-1}$$

QCM 121

- A- La forme **F3** a une vitesse maximale **supérieure à la forme F2**
- B- La forme **sauvage et F1** ont des **propriétés michaeliennes équivalentes**
- C- La forme F3 a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage
- D- La forme F2 a une $V_{max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$
- E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

K_m est inversement proportionnelle à l'affinité d'une enzyme pour un substrat donné

Ici les formes sauvages et mutées de la PC1 ont des **affinités identiques pour la POMC**

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59. L' analyse chromatographique des acides gras composant ce triglycéride révèle qu' il contient deux acides gras de nature différente. Un seul acide gras sur les 2 a pu être identifié, il s' agit de l' acide palmitique. Quel est le nom du second acide gras qui constitue ce triacylglycerol sachant qu' il est monoinsaturé et non ramifié?

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

- A L'acide stéarique
- B L'acide oléique
- C L'acide arachidonique
- D L'acide palmitoléique
- E L'acide arachidique

1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

2/ Détermination masse molaire matière grasse (3 AG)

3/ I₁: Détermination du degré d' insaturation matière grasse

4/ Détermination masse molaire AG à identifier

5/ Détermination nombre C AG à identifier

6/ Identification AG

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

$$M_{TG} = \frac{m_{TG}}{n_{TG}}$$

→ Définition Indice saponification

$$m_{TG} = 1g$$

Is : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

TG = ester d'AG

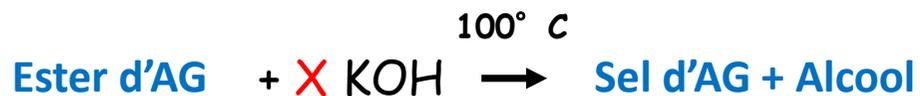
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

$$M_{TG} = \frac{m_{TG}}{n_{TG}}$$

→ Réaction chimique de saponification + Définition Indice Saponification



$n_{TG}?$ TG = ester d'AG

$$n_{TG} = (n_{KOH}) / X$$

Is : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d'ester d'AG

$$Is = m_{KOH} = n_{KOH} M_{KOH}$$

$$n_{KOH} = \frac{Is}{M_{KOH}}$$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

Is : masse de KOH exprimée en **mg** nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$$Is = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} M_{\text{KOH}} \quad n_{\text{KOH}} = \frac{Is}{M_{\text{KOH}}}$$

$$Is = 196$$

$$M_{\text{KOH}} = 56 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$n_{\text{KOH}} = \frac{196 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,5 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$n_{\text{TG}}?$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

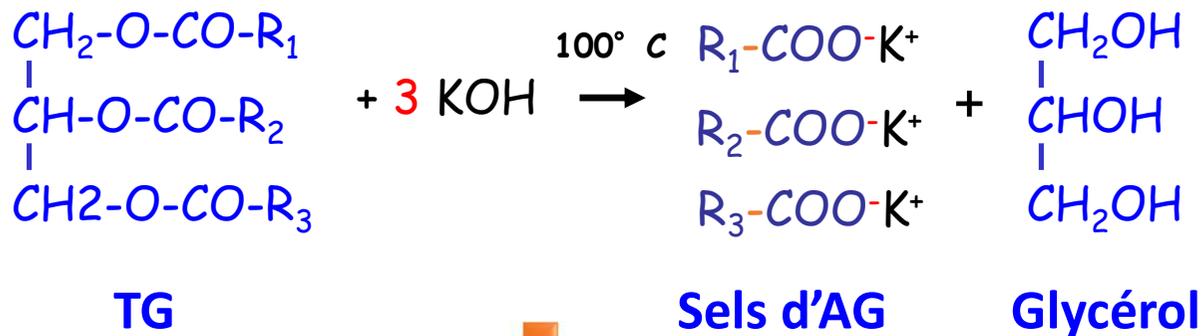
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

Is : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$n_{TG}?$



$$n_{\text{triglyceride}} = (n_{\text{KOH}}) / 3$$

Réaction non stoechiométrique

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

Is : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$$Is = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} M_{\text{KOH}} \quad n_{\text{KOH}} = \frac{Is}{M_{\text{KOH}}}$$

$$Is = 196$$

$$M_{\text{KOH}} = 56 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$n_{\text{KOH}} = \frac{196 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,5 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{\text{triglyceride}} = (n_{\text{KOH}}) / 3 = (3,5 \cdot 10^{-3}) / 3 = 1,17 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

Is : masse de KOH exprimée en **mg** nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$$Is = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} M_{\text{KOH}} \quad n_{\text{KOH}} = \frac{Is}{M_{\text{KOH}}} \quad \begin{array}{l} Is = 196 \\ M_{\text{KOH}} = 56 \text{ g.mol}^{-1} \end{array}$$

$$n_{\text{KOH}} = \frac{196 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,5 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{\text{triglyceride}} = (n_{\text{KOH}}) / 3 = (3,5 \cdot 10^{-3}) / 3 = 1,17 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$M_{\text{TG}} = \frac{m_{\text{TG}}}{n_{\text{TG}}} = \frac{1 \text{ g}}{1,17 \cdot 10^{-3} \text{ mol}} = 857 \text{ g.mol}^{-1}$$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

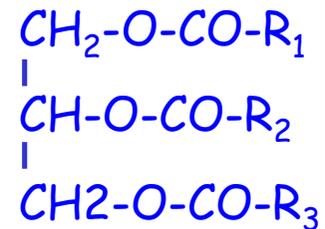
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

2/ Détermination masse molaire matière grasse (3 AG)

$$M_{TG} = 857 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$M_{\text{matière grasse}} = ? \text{ g.mol}^{-1}$$



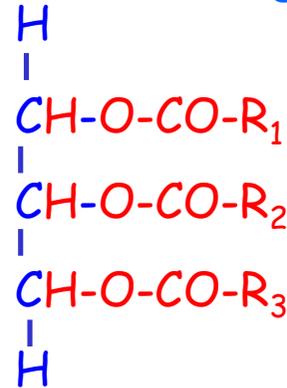
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

2/ Détermination masse molaire matière grasse (3 AG)

$$M_{TG} = 857 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$M_{\text{matière grasse}} = ? \text{ g.mol}^{-1}$$



$$\text{Donc } M_{\text{matière grasse}} = M_{TG} - (3 \times 12 + 2 \times 1)$$

$$M_{\text{matière grasse}} = 857 - 38 = 819 \text{ g.mol}^{-1}$$

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

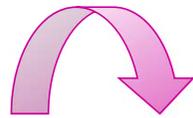
● $M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g.mol}^{-1}$

● Matière grasse: 2 acides gras de nature différente

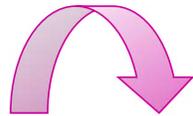
Acide palmitique

AG ? monoinsaturé

● Triacylglycerol: quel AG est estérifié 2 fois sur le glycerol?



Détermination degré insaturation matière grasse



Indice d'iode

148/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59. L' analyse chromatographique des acides gras composant ce triglycéride révèle qu' il contient **deux acides gras de nature différente**. **Un seul acide gras** sur les 2 a pu être **identifié**, il s' agit de l' **acide palmitique**. Quel est le **nom du second acide gras** qui constitue ce triacylglycerol sachant qu' il est **monoinsaturé** et **non ramifié**?

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

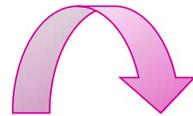
H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

3/ I_I: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

I_I : masse de I₂ en **cg** pour saturer **1 g** de matière grasse

● M_{matière grasse} = 819 g.mol⁻¹

Si masse molaire matière grasse et indice d' iode connus



Détermination du nombre de double liaison dans la matière grasse

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

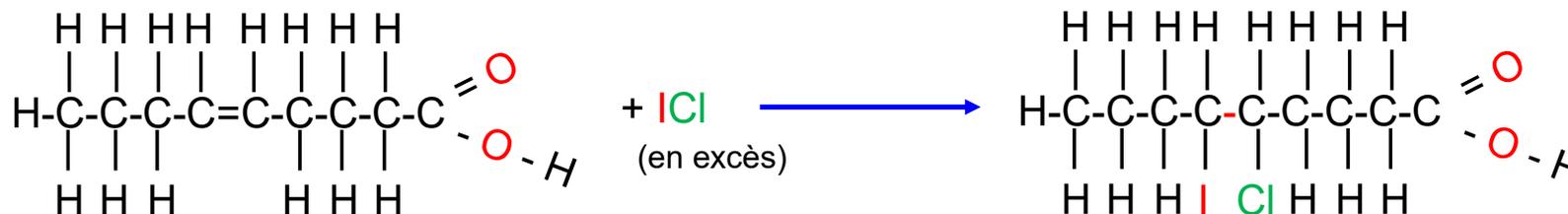
V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

3/ I₁: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

Réaction de saturation:



Stoechiométrie dépendante nombre insaturation:

1 insaturation: $n_{I_2} = n_{\text{matière grasse}}$

+ ICl non fixé

+ KI

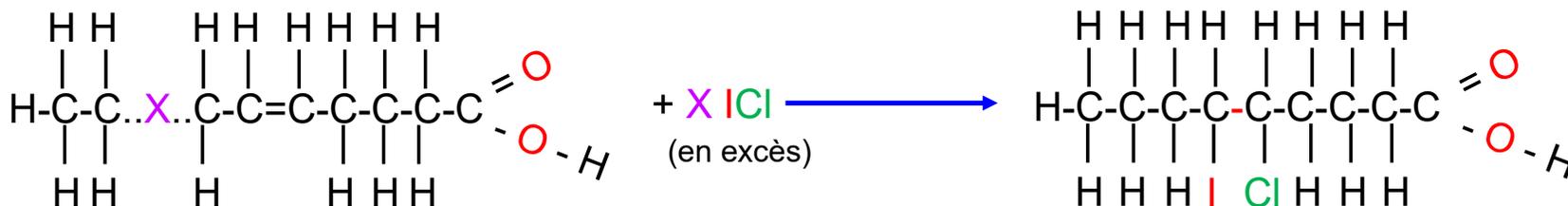
I₂ Dosage

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

3/ I_i: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

Réaction de saturation:



Stoechiométrie dépendante nombre insaturation:

1 insaturation: $n_{I_2} = n_{\text{matière grasse}}$

X insaturation: $n_{I_2} = X n_{\text{matière grasse}}$

$$X = \text{nombre insaturation} = \frac{n_{I_2}}{n_{\text{matière grasse}}}$$

+ X ICl non fixé

+ KI

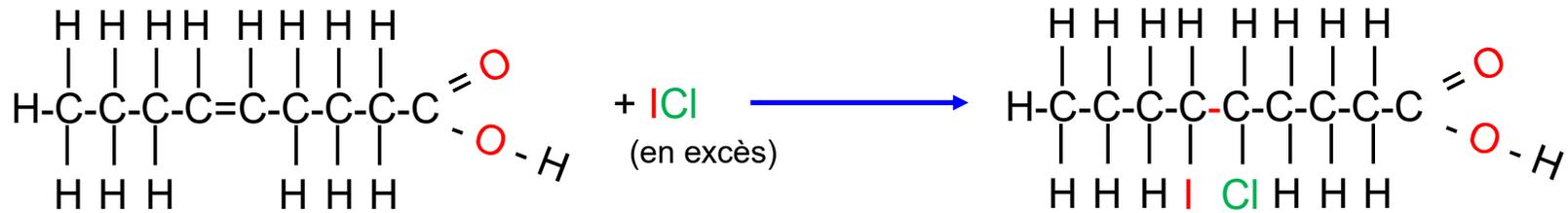
$X I_2$ Dosage

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

3/ I₁: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

Réaction de saturation:



Stoechiométrie dépendante nombre insaturation:

1 insaturation: $n_{I_2} = n_{\text{matière grasse}}$

X insaturation: $n_{I_2} = X n_{\text{matière grasse}}$

$$X = \text{nombre insaturation} = \frac{n_{I_2}}{n_{\text{matière grasse}}}$$

+ ICl non fixé
 ↓ + KI
 I₂ Dosage
 M matière grasse

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

3/ I_I: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

I_I : masse de I₂ en **cg** pour saturer **1 g** de matière grasse

$$I_I = m_{I_2} = n_{I_2} M_{I_2} \quad n_{I_2} = \frac{I_I}{M_{I_2}} \quad \begin{array}{l} I_I = 59 \\ M_{I_2} = 254 \text{ g.mol}^{-1} \end{array}$$

$$n_{I_2} = \frac{59 \cdot 10^{-2} \text{ g}}{254 \text{ g.mol}^{-1}} = 2,32 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g mol}^{-1}$$

$$n_{\text{matière grasse}} = \frac{m_{\text{matière grasse}}}{M_{\text{matière grasse}}} = \frac{1 \text{ g}}{819 \text{ g mol}^{-1}} = 1,22 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59. L' analyse chromatographique des acides gras composant ce triglycéride révèle qu' il contient deux acides gras de nature différente. Un seul acide gras sur les 2 a pu être identifié, il s' agit de l' acide palmitique. Quel est le nom du second acide gras qui constitue ce triacylglycerol sachant qu' il est monoinsaturé et non ramifié?

3/ I_1 : Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

$$n_{I_2} = X n_{\text{matière grasse}}$$

X: nombre de double liaison

$$X = \frac{n_{I_2}}{n_{\text{matière grasse}}}$$

$$X = \frac{2,32 \cdot 10^{-3}}{1,22 \cdot 10^{-3}} = 1,9 \rightarrow 2 \text{ insaturations}$$

$$n_{I_2} = 2,32 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{AG} = 1,22 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

- Matière grasse présente 2 insaturations
- Enoncé: 2 AG nature différente dont Acide palmitique 16:0
- 2^{ème} AG: monoinsaturé non ramifié

Matière grasse = 1 acide palmitique + 2 X AG monoinsaturé à identifier

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

4/ Détermination masse molaire AG à identifier

● $M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g.mol}^{-1}$

H-O-CO-(CH₂)₁₄-CH₃ Acide palmitique

H-O-CO-R

H-O-CO-R

AG monoinsaturé à identifier

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

4/ Détermination masse molaire AG à identifier

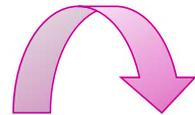
● $M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g.mol}^{-1}$



AG monoinsaturé à identifier

$$M_{AG} = \frac{M_{\text{matière grasse}} - M_{\text{acide palmitique}}}{2}$$

$$M_{AG} = \frac{819 - (16 \times 12 + 2 \times 16 + 32 \times 1)}{2}$$



$$M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

5/ Détermination nombre C AG à identifier

● $M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$

● AG monoinsaturé

formule brute AG insaturés ?

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

5/ Détermination nombre C AG à identifier

● $M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$

● AG monoinsaturé

formule brute AG insaturés: $C_n H_{2n-2X} O_2$

n= nombre atome carbone

X: nombre insaturation

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

5/ Détermination nombre C AG à identifier

● $M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$

● AG monoinsaturé



formule brute : $C_n H_{2n-2} O_2$

$$\text{Donc } 12n + 2n - 2 + (16 \times 2) = 282$$

$$14n = 282 - 30 = 252$$

$$n = 252/14 = 18$$

Nous en déduisons la **formule brute** de l' AG : $C_{18}H_{34}O_2$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

5/ Détermination nombre C AG à identifier

- formule brute de l' AG : $C_{18}H_{34}O_2$
- AG monoinsaturé



L' AG : **C18:1**

- A L'acide stéarique
- B L'acide oléique
- C L'acide arachidonique
- D L'acide palmitoléique
- E L'acide arachidique

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol⁻¹; O:16 g.mol⁻¹; C:12 g.mol⁻¹; I: 127 g.mol⁻¹; K: 39 g.mol⁻¹

5/ Détermination nombre C AG à identifier

- formule brute de l' AG : $C_{18}H_{34}O_2$
- AG monoinsaturé



L' AG : C18:1

- A L'acide stéarique 18:0
- B L'acide oléique 18:1**
- C L'acide arachidonique 20:4
- D L'acide palmitoléique 16:1
- E L'acide arachidique 20:0

Réponse: B

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

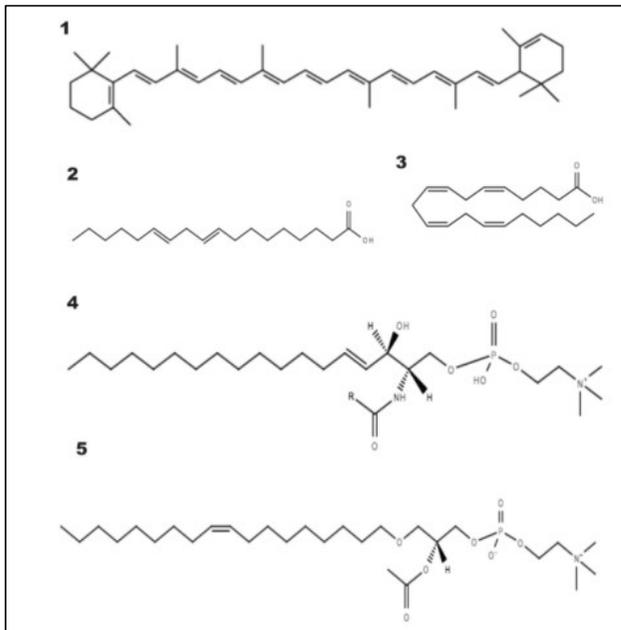


Figure 1

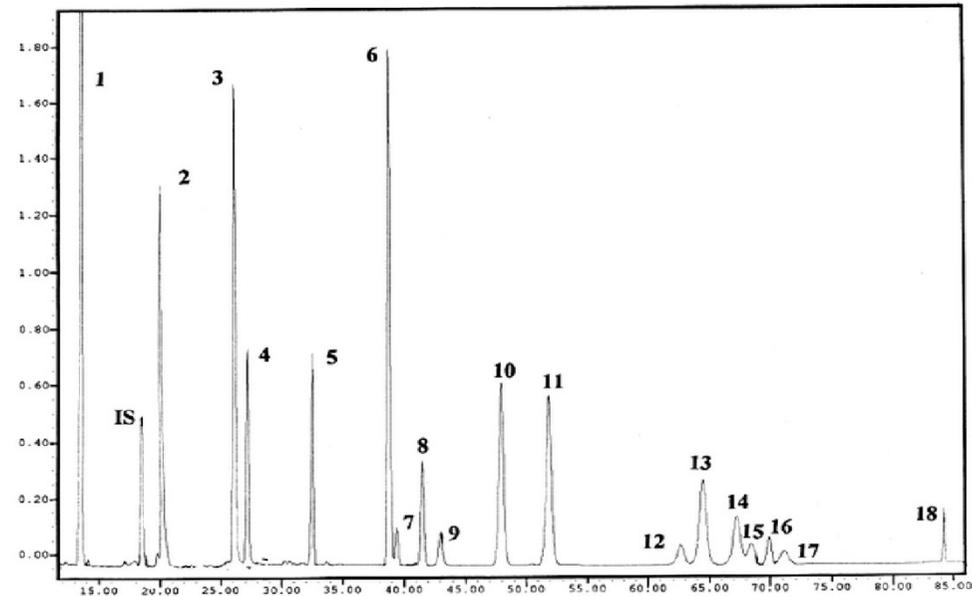


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique
- 5 : acide laurique
- 7 : acide γ -linolenique
- 9 : acide myristique
- 10 : acide linoléique
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque
- 18 : acide stéarique
- IS : internal standard

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

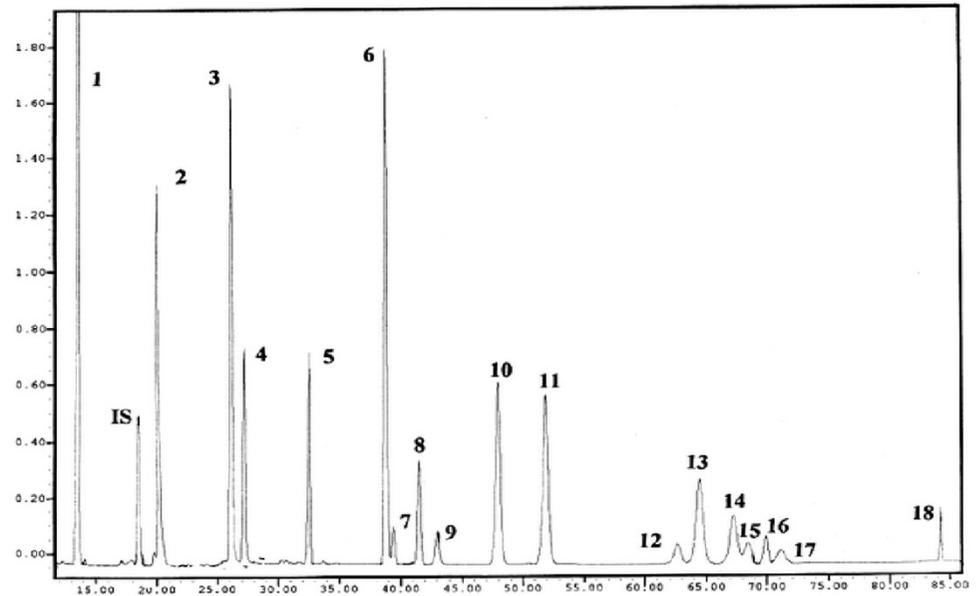


Figure 2

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

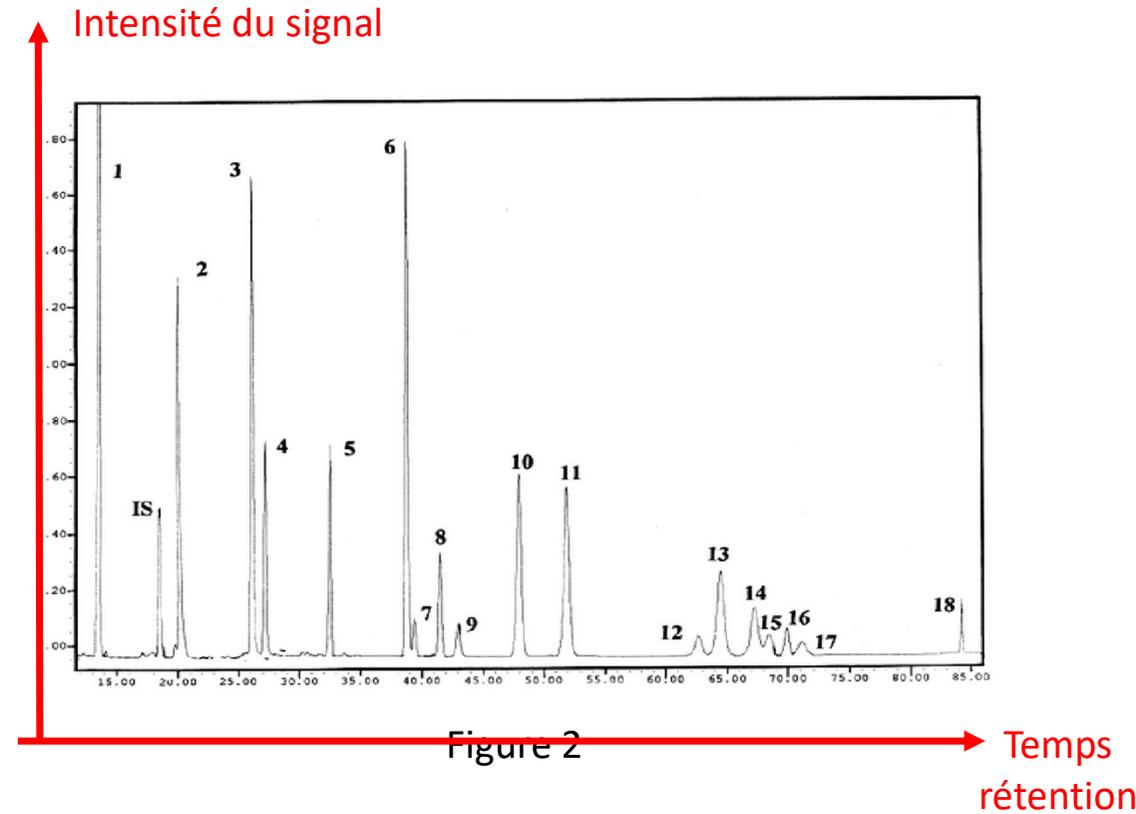
A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.

B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.

C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.

D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.

B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.

C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.

D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

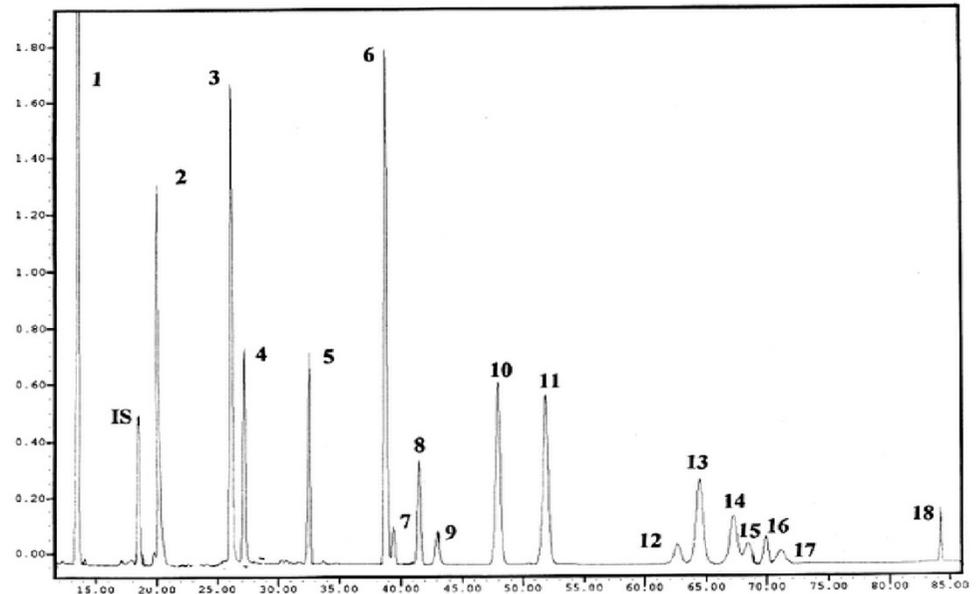


Figure 2



Localisation sur le profil de
chromatographie des AG identifiés

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

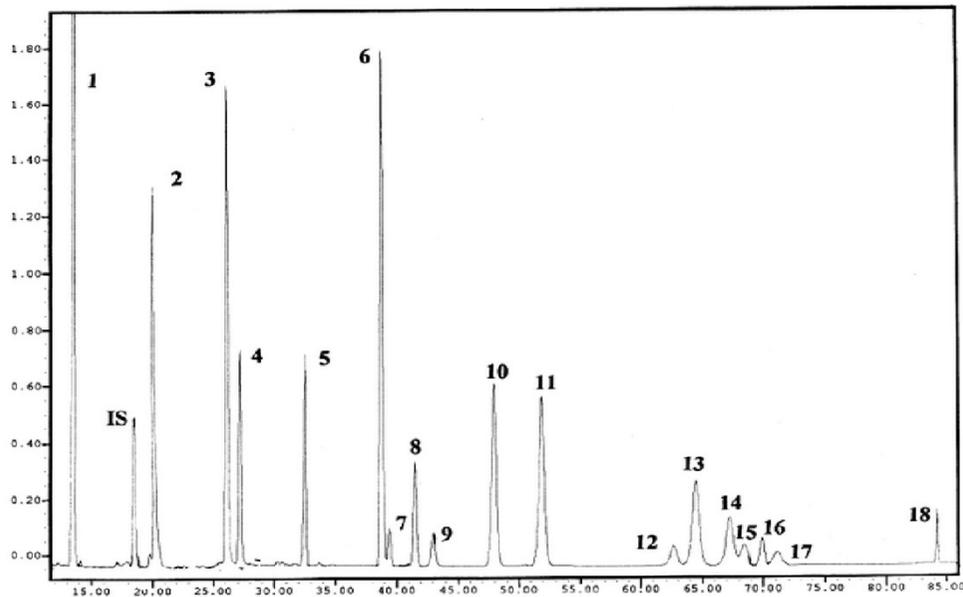


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique
 - 5 : acide laurique
 - 7 : acide g-linoléique
 - 9 : acide myristique
 - 10 : acide linoléique
 - 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque
 - 18 : acide stéarique
- IS : internal standard

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

Augmentation nombre carbone

Augmentation nombre insaturation

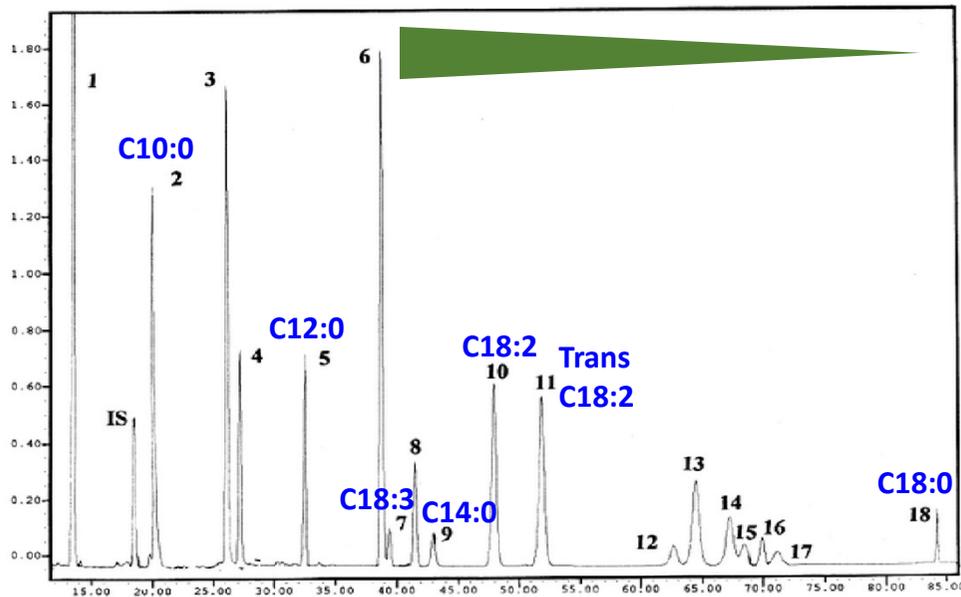


Figure 2

HPLC

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique **C10:0**
- 5 : acide laurique **C12:0**
- 7 : acide g-linolenique **C18:3**
- 9 : acide myristique **C14:0**
- 10 : acide linoléique **C18:2**
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque **Trans C18:2**
- 18 : acide stearique **C18:0**
- IS : internal standard

- Tr augmente avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

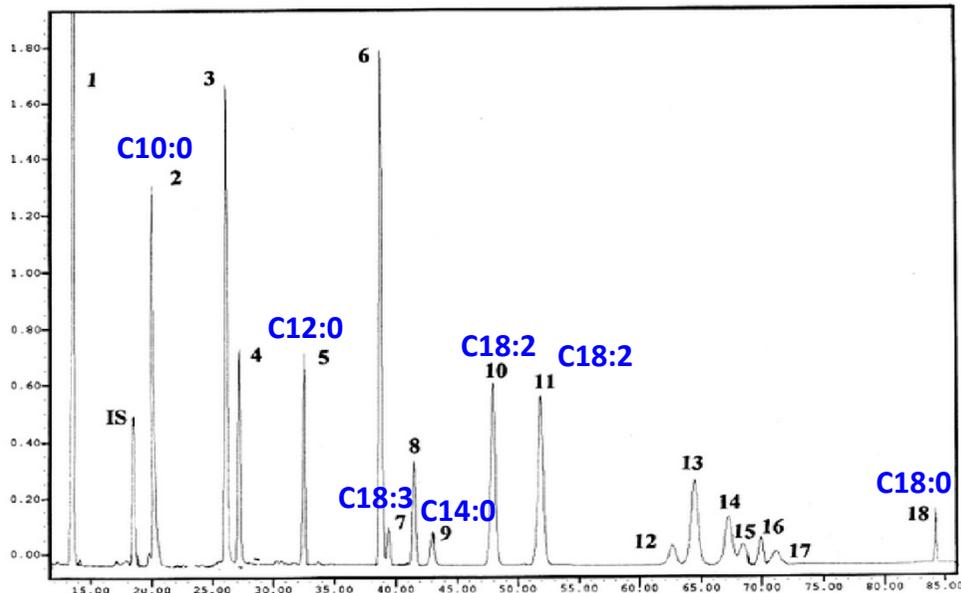


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent

aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique **C10:0**
- 5 : acide laurique **C12:0**
- 7 : acide g-linoléique **C18:3**
- 9 : acide myristique **C14:0**
- 10 : acide linoléique **C18:2**
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque **trans C18:2**
- 18 : acide stéarique **C18:0**
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.

Acide oléique: **C18:1**

- Tr augmente avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation



C18:1: pic entre C18:2 et C18:0



C18:1: parmi les pics 12 à 17

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

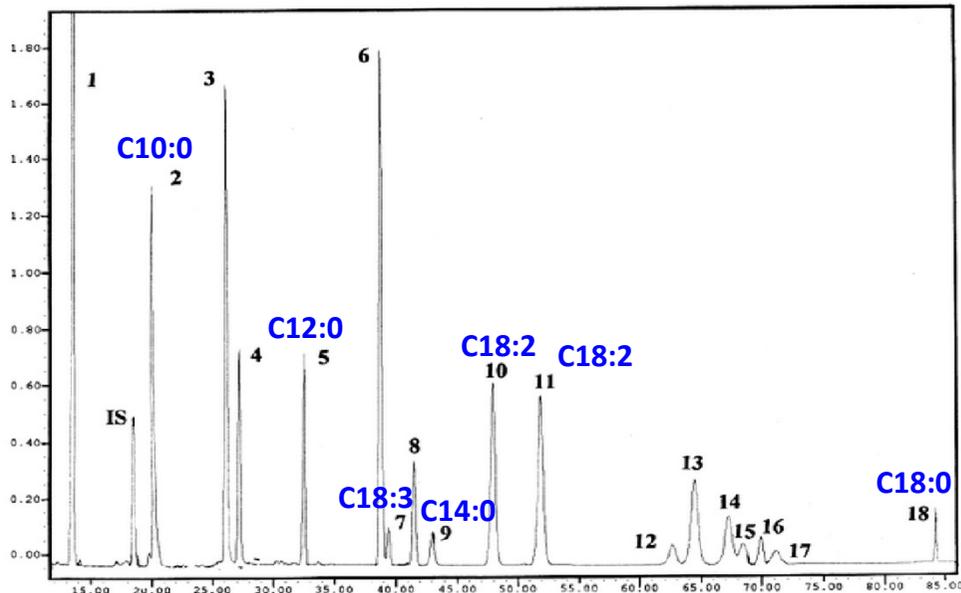


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent

aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique **C10:0**
- 5 : acide laurique **C12:0**
- 7 : acide g-linoléique **C18:3**
- 9 : acide myristique **C14:0**
- 10 : acide linoléique **C18:2**
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque **trans C18:2**
- 18 : acide stéarique **C18:0**
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.

Acide oléique: **C18:1**

- Tr augmente avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation



C18:1: pic entre C18:2 et C18:0



C18:1: parmi les pics 12 à 17

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

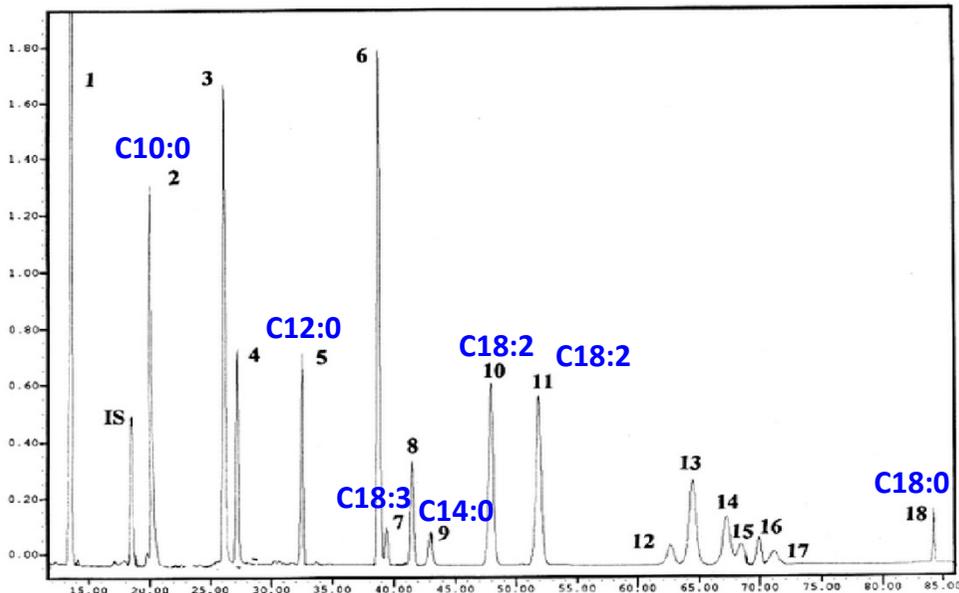


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

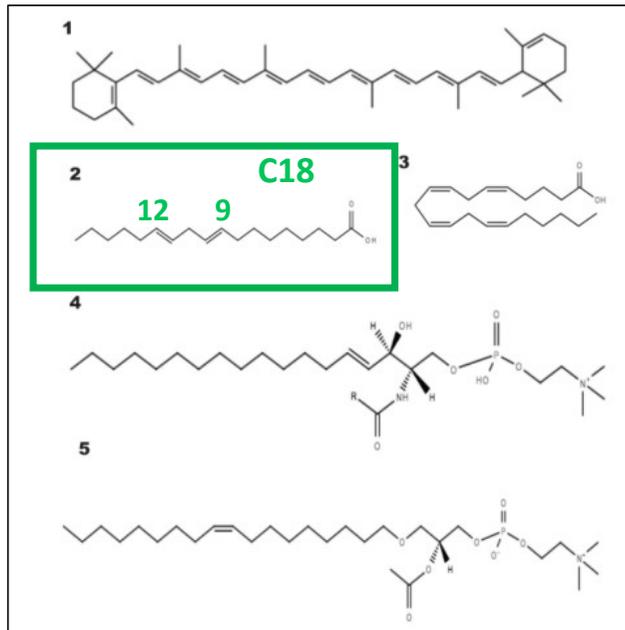


Figure 1

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stéarique C18:0
- IS : internal standard

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

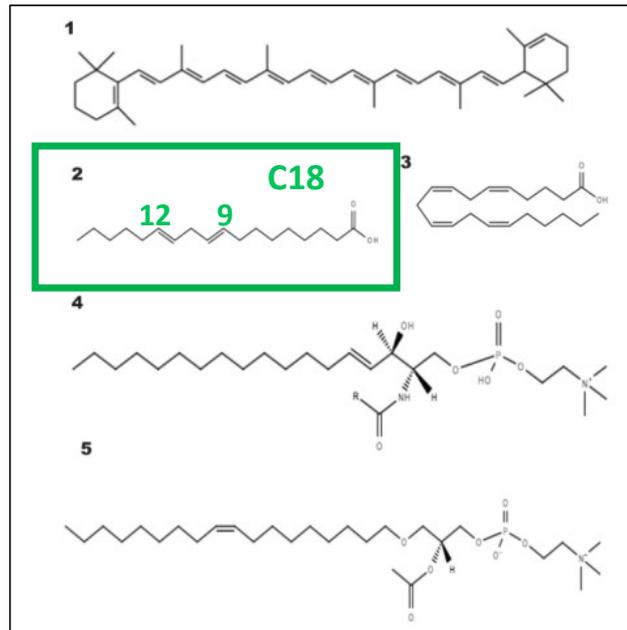


Figure 1

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- **11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2**
- 18 : acide stéarique C18:0
- IS : internal standard

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

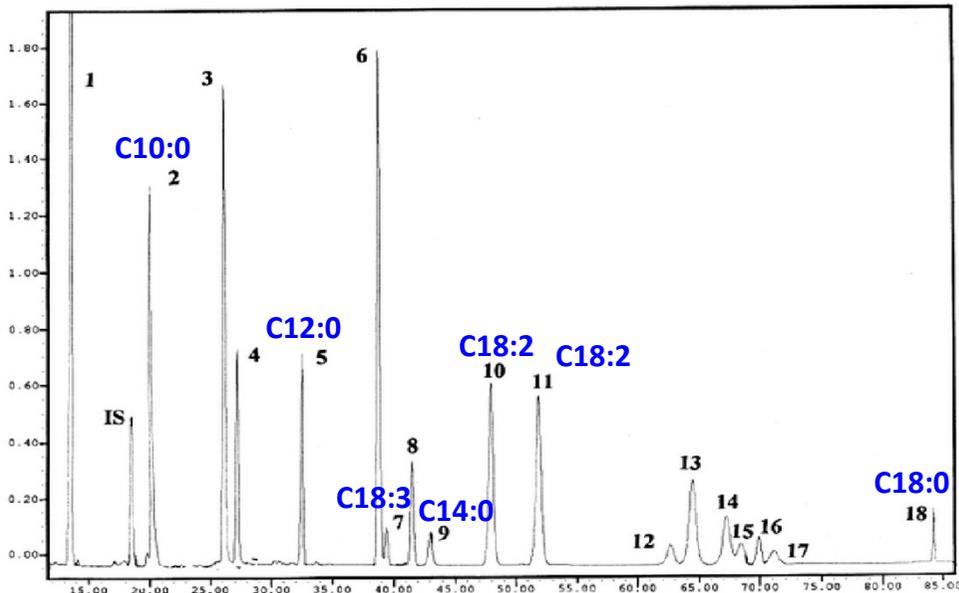


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

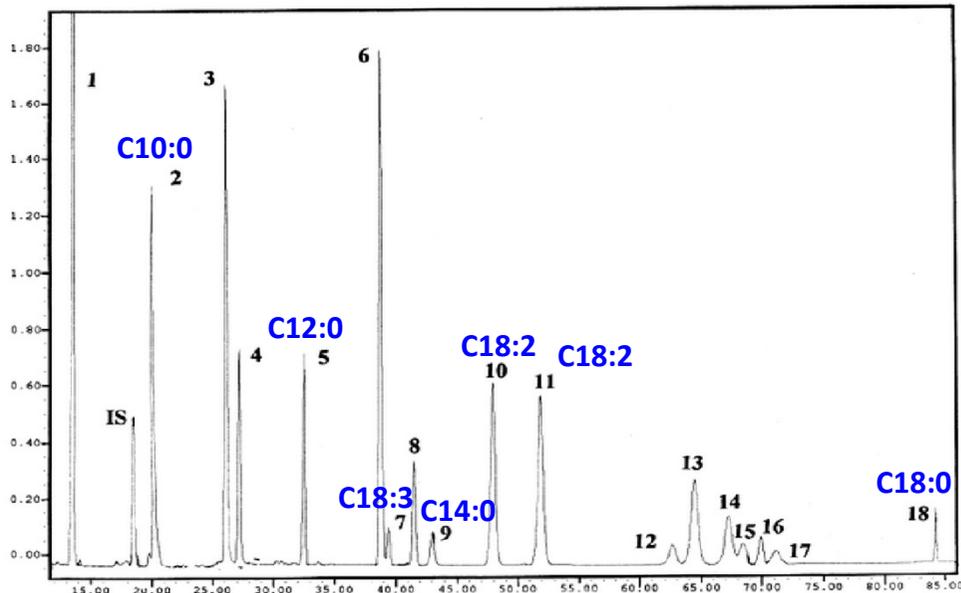


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent

aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linoléique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stéarique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

AG essentiels ?

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

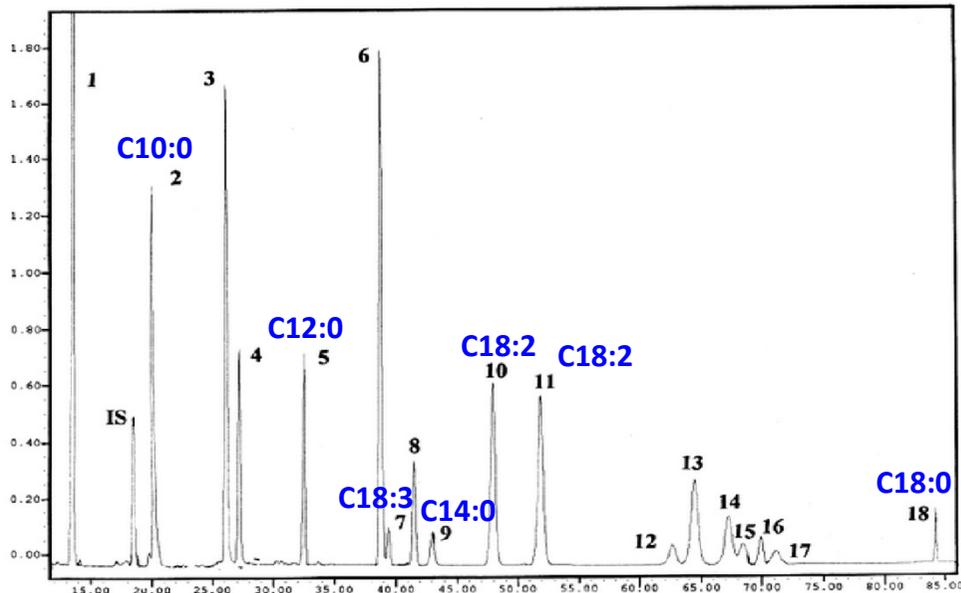


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent

aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linoléique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stéarique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

AG essentiels: acide α -linoléique et acide linoléique

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

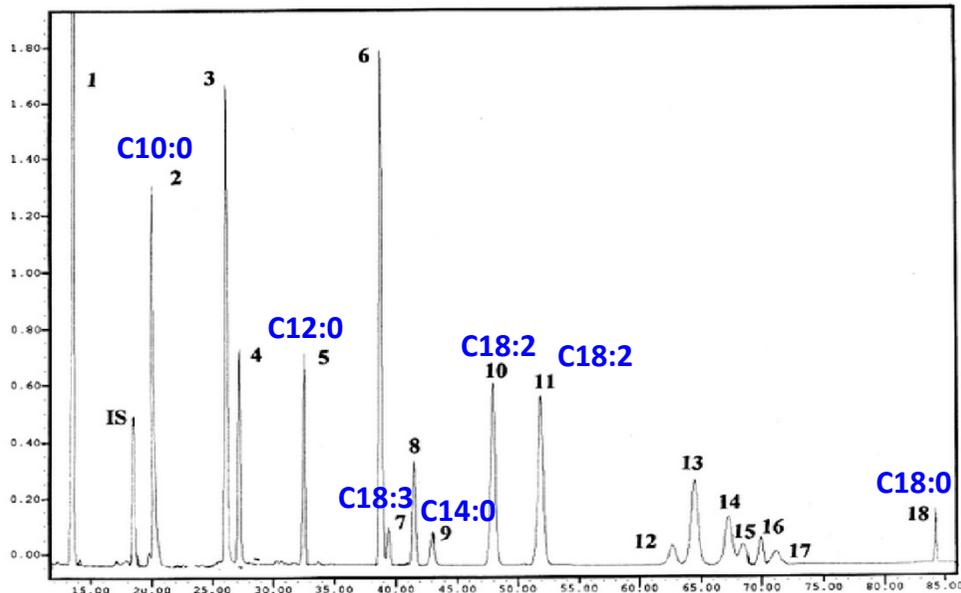


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linoléique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stéarique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

AG essentiels: acide α -linoléique et acide linoléique

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

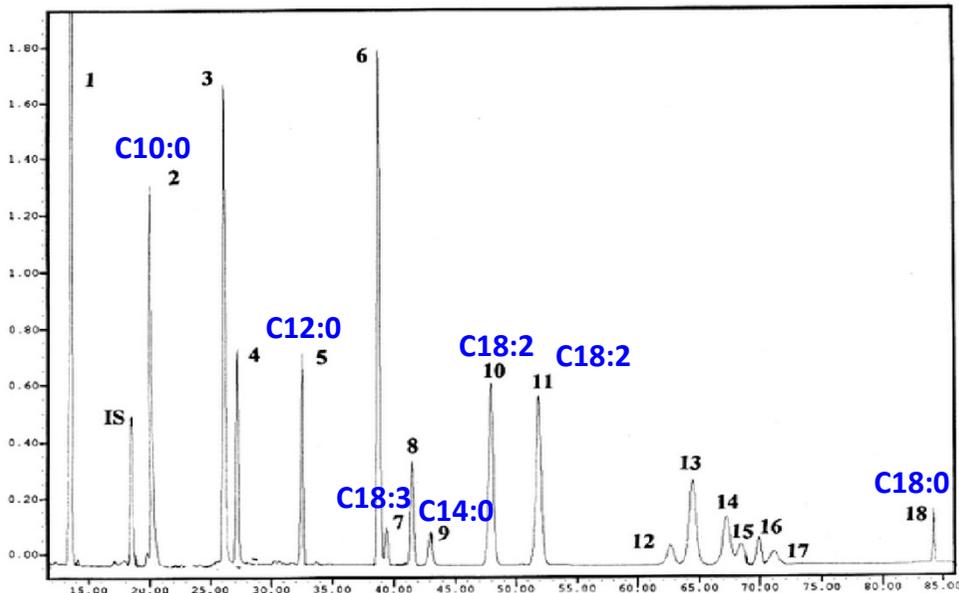


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

Augmentation nombre carbone

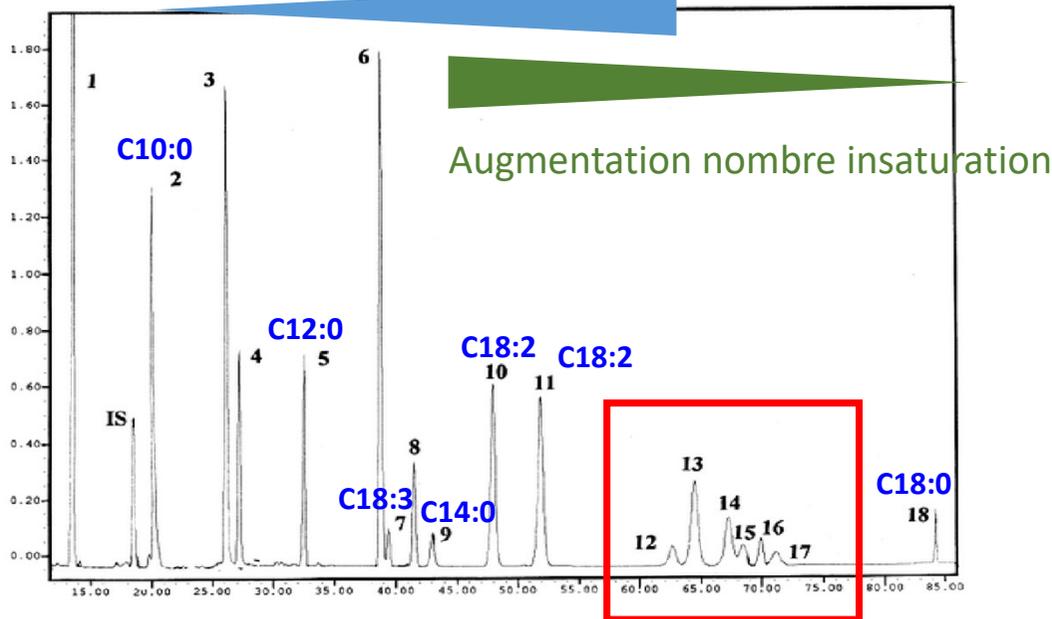


Figure 2

pics entre C14:0 et C18:0

Acide palmitique: C16:0



pics entre C18:2 et C18:0

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

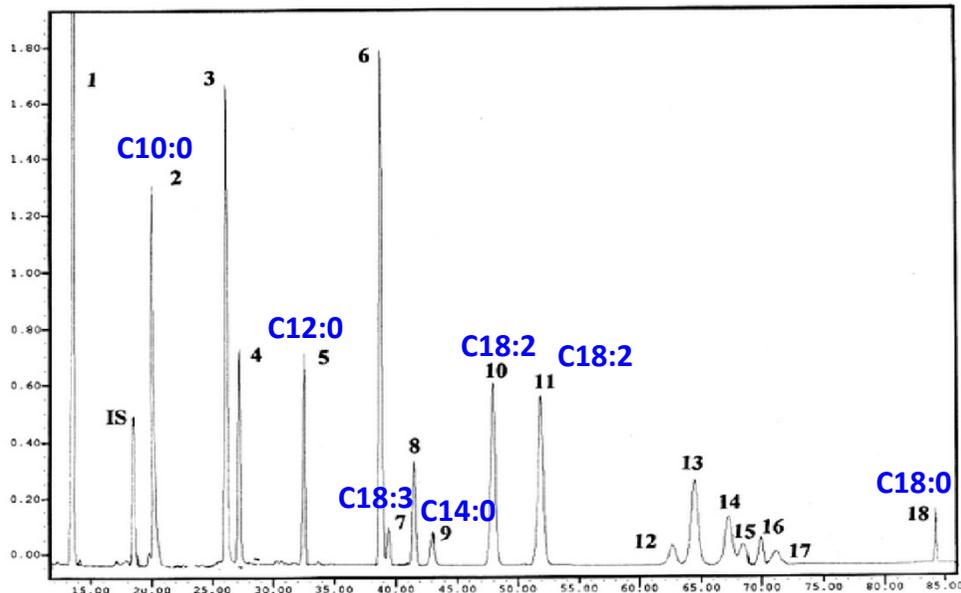


Figure 2

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

Réponses: A, C, E

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l' acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des $\omega 9$
- C Lorsque l' on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l' acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un Rf plus grand que celui de l' acide linoléique
- D On se propose de séparer cet acide gras de l' acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son Tr sera inférieur à celui de l' acide oléique
- E On se propose de séparer cet acide gras de l' acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l' aide d' une colonne de silice et en réalisant l' élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son Tr sera plus faible que celui de l' acide stéarique.

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l'acide palmitoléique

(16:1)^{Δ9}: Acide palmitoléique



(18:3)^{Δ9,12,15}: Acide linoléique

Acide α ou γ linoléique?



(18:3)^{Δ9,12,15}: Acide α-linolénique

Acide γ-linolénique: (18:3)^{Δ6,9,12}

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique
B Il appartient à la famille des $\omega 9$



$\omega 3$

$\omega 3$

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181²/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l'acide palmitoléique

B Il appartient à la famille des $\omega 9$

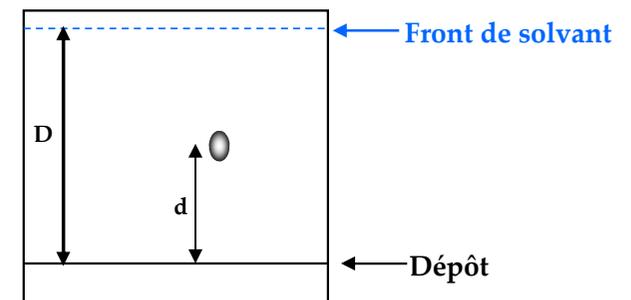
C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un Rf plus grand que celui de l'acide linoléique

$$R_f = \frac{\text{Distance lipide}}{\text{Distance front solvant}} = \frac{d}{D}$$



+ un lipide migre loin, + le Rf est élevé

- + un lipide est apolaire , + migre loin
- Caractère apolaire augmente avec longueur chaîne carbonée
- Caractère apolaire diminue en présence insaturations



I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l'acide palmitoléique

B Il appartient à la famille des $\omega 9$

C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un **Rf plus grand** que celui de l'**acide linoléique**

$$R_f = \frac{\text{Distance lipide}}{\text{Distance front solvant}} = \frac{d}{D}$$



+ un lipide migre loin, + le Rf est élevé

- + un lipide est apolaire , + migre loin
- Caractère apolaire augmente avec longueur chaîne carbonée
- Caractère apolaire diminue en présence insaturations

Acide linoléique (18:2) $\Delta^{9,12}$

AG Ci-dessus (18:3) $\Delta^{9,12,15}$



Acide linoléique + POLAIRE Acide linoléique

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

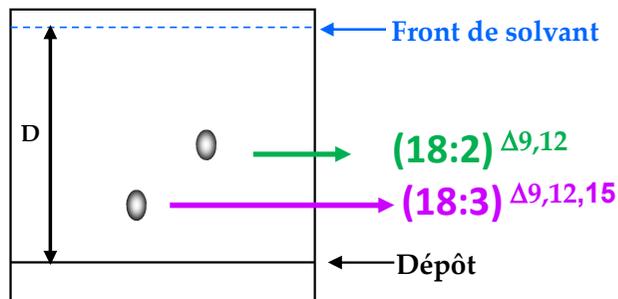
IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des $\omega 9$
- C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un R_f plus grand que celui de l'acide linoléique



Acide linoléique (18:2) $\Delta^{9,12}$

AG Ci-dessus (18:3) $\Delta^{9,12,15}$



Acide linoléique + POLAIRE Acide linoléique



R_f (Acide linoléique) < R_f (Acide linoléique)

I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

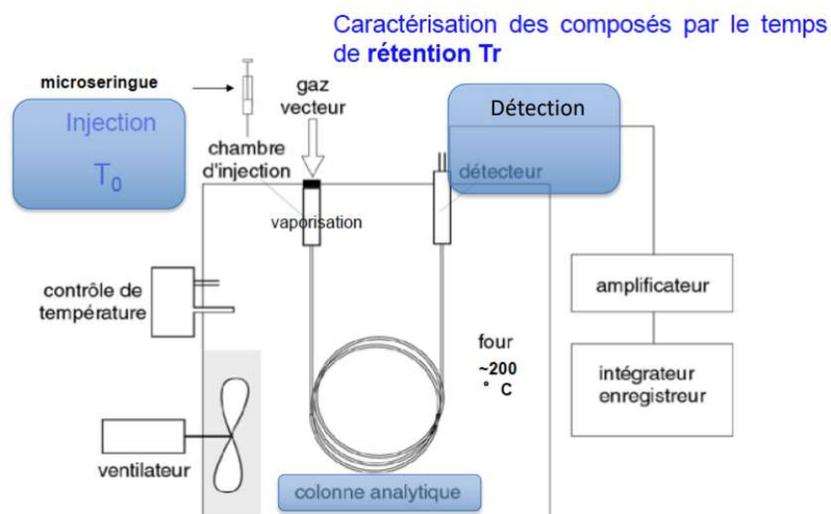
181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son T_r sera inférieur à celui de l'acide oléique

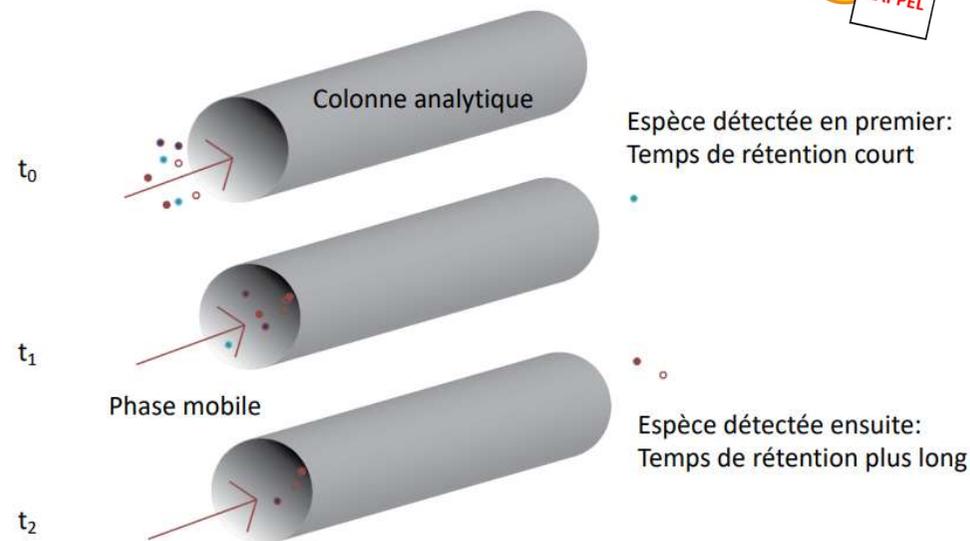
Techniques d'analyse des lipides

Chromatographie en phase gazeuse.



Colonne: lieu de séparation en fonction de l'affinité des lipides pour la colonne

Chromatographie sur colonne: principe



I-ACIDES AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

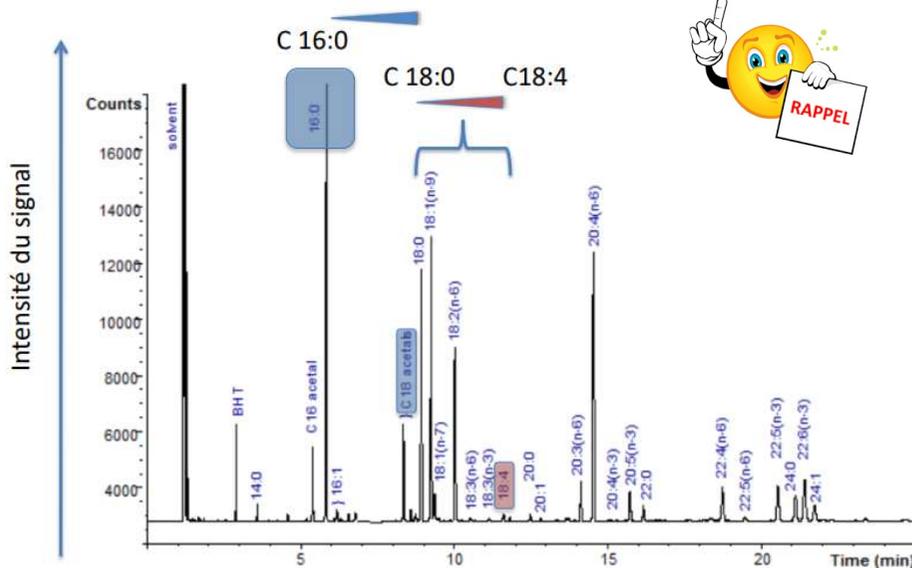
181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son Tr sera inférieur à celui de l'acide oléique

Chromatographie en phase gazeuse.

Ex: Séparation d'acides gras



Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr AUGMENTE avec nombre insaturation

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son **Tr** sera inférieur à celui de l'acide oléique

Acide Oléique (18:1) Δ^9

Acide linoléique (18:2) $\Delta^9,12,15$



Tr (18:2) > Tr (18:1)

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr AUGMENTE avec nombre insaturation

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son **Tr** sera inférieur à celui de l'acide oléique

Acide Oléique (18:1) Δ^9

Acide linoléique (18:2) $\Delta^9,12,15$



Tr (18:2) > Tr (18:1)

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr AUGMENTE avec nombre insaturation

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des $\omega 9$
- C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un R_f plus grand que celui de l'acide linoléique
- D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son T_r sera inférieur à celui de l'acide oléique
- E On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son T_r sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

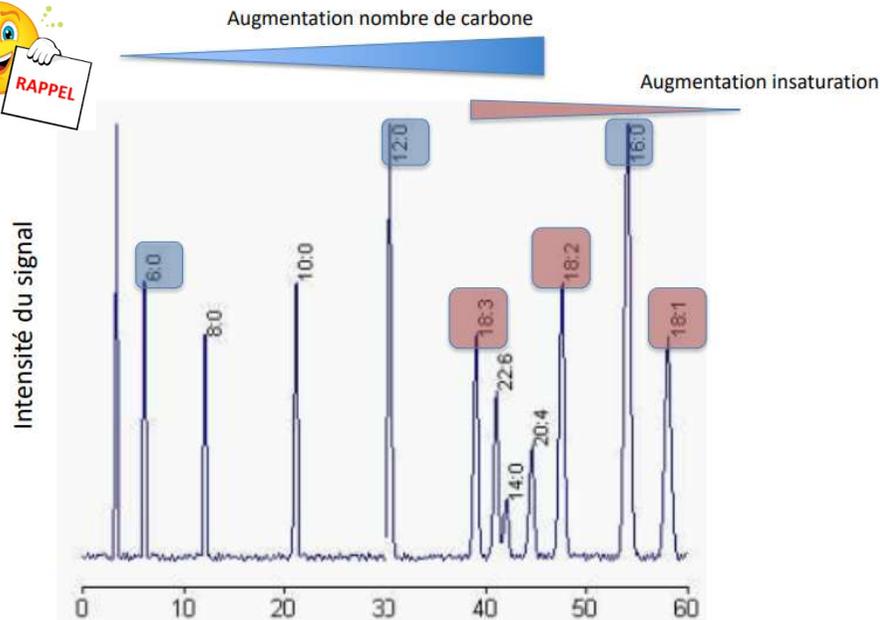
V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son Tr sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

Chromatographie liquide par HPLC (High Performance Liquid Chromatography)



Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

- Tr **AUGMENTE** avec nombre carbone
- Tr **DIMINUE** avec nombre insaturation

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



E On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son Tr sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

Acide stéarique (18:0)

Acide linoléique (18:3)^{Δ9,12,15}



Tr (18:3) < Tr (18:0)

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



E On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son Tr sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

Acide stéarique (18:0)

Acide linoléique (18:3)^{Δ9,12,15}



Tr (18:3) < Tr (18:0)

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation

I-ACIDES
AMINES

II-PEPTIDES

III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

V-LIPIDES

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des $\omega 9$
- C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un R_f plus grand que celui de l'acide linoléique
- D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son T_r sera inférieur à celui de l'acide oléique
- E On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son T_r sera plus élevé que celui de l'acide stéarique.

Réponse: E