

**PREMIERE ANNEE COMMUNE AUX ETUDES DE SANTE**  
**« PACES » 2017/2018**

**MERCREDI 13 DECEMBRE 2017**  
**UE1 de 9h à 10h30**

**UE1: Atomes, biomolécules, génomes, bioénergétique, métabolisme**  
**Responsable de l'enseignement: Pr RODRIGUEZ-LAFRASSE**

Type de l'épreuve : QCM  
Durée de l'épreuve : 1H30  
Notation concours : sur 20

Le fascicule comporte 14 pages, numérotées de la page 1 à 14  
(2 premières feuilles de brouillon couleur bleue)

Nom du candidat : .....  
Prénom : .....  
Numéro de place : .....

**SIGNATURE**

**INSTRUCTIONS POUR L'EPREUVE**

**Usage de la calculatrice: NON AUTORISE**

1. Assurez-vous que votre fascicule est complet : les pages doivent se suivre sans interruption.
2. Ce fascicule devra obligatoirement être rendu avec la grille de réponse à la fin de l'épreuve.
3. Les questions QCM sont à REponses multiples. Chaque question comporte cinq propositions.
4. **Vous devez cocher sur la grille de réponse uniquement les propositions exactes de 0 à 5 possibilités par question.**
5. Toute marque qui apparaît en dehors des emplacements qui vous sont réservés peut motiver un zéro à votre épreuve.
6. Communications : depuis l'instant où vous aurez reçu votre cahier d'épreuves jusqu'à celui où vous aurez rendu la grille de réponse optique, **toute communication est interdite** quel qu'en soit le prétexte ou la nature. En cas de besoin, adressez-vous exclusivement aux surveillants présents dans la salle.

**Attention** : Vos réponses portées sur la grille de réponse QCM seront lues par un procédé optique qui implique obligatoirement que les cases correspondantes soient franchement et entièrement noircies et non pas seulement très légèrement ou partiellement crayonnées.

**Enoncé commun aux QCM 1 à 3.**

**La séquence (orientée 5'→ 3') des 4 exons qui composent un gène eucaryote codant un canal potassique dénommé KCNE1 est présentée ci-dessous. Le codon d'initiation de la traduction est indiqué en gras et souligné. La protéine KCNE1 est composée de 129 résidus d'acides aminés.**

**Séquence de l'exon 1 du gène**

1- GAAATCACAA ATTACAAAAC GTCAGAGTAC TTTCTGGAAA TAAGCCTTCC TCTCCAGGGA  
61- ACAACGCATT TGACACTTGA CTGGGATACA CTACCGGATC CTCCGAGGGT GATGGTTCTC  
121- AAGAAGGCAG AAGCAATGGT GACCAATAGA CCTCCTTAAA GGCTGAGCCG CTGGGCACCT  
181- TCCTACTCCT CTCGACCGTG CTAGGATG

**Séquence de l'exon 2 du gène**

1- ACTGCAGCAG AGTCCCCGAG TCCTTTGATG CAAGGGTCTA G

**Séquence de l'exon 3 du gène**

1- GAAAAATCCC TCTGCTTTCT CTGGCCAGTT TCACACAATC ATCAGGTGAG CCGAGGATCC  
61- ATTGGAGGAA GGCATTATCT GTATCCAGAG GAAATAGCCA AGGATATTCA G

**Séquence de l'exon 4 du gène**

1- GGTGTGCCTG GGAAGTTTGA GCTGCAGCAG TGGAACTTA ATGCCCAGGA TGATCCTGTC  
61- TAACACCACA GCGGTGACGC CCTTTCTGAC CAAGCTGTGG CAGGAGACAG TTCAGCAGGG  
121- TGGCAACATG TCGGGCCTGG CCCGCAGGTC CCCCCGAGC AGTGACGGCA AGCTGGAGGC  
181- CCTCTACGTC CTCATGGTAC TGGGATTCTT CGGCTTCTTC ACCCTGGGCA TCATGCTGAG  
241- CTACATCCGC TCCAAGAAGC TGGAGCACTC GAACGACCCA TTCAACGTCT ACATCGAGTC  
301- CGATGCCTGG CAAGAGAAGG ACAAGGCCTA TGTCCAGGCC CGGGTCCCTGG AGAGCTACAG  
361- GTCGTGCTAT GTCGTTGAAA ACCATCTGGC CATAGAACAA CCAACACAC ACCTTCCTGA  
421- GACGAAGCCT TCCCCATGAA CCCCACACT GGCTAAAACCT GGACACATCC TGCCCTGGCAA  
481- CCTGATTTTC TAATCACATT CCTCTCATACT TCTTTATTGT GATGGATACC ACTGGATTTTC  
541- TTTTTGGCTG TTGTAAGGGG TGAGGGGTGG ATTAATGACA CTGTTTCACT GTTCTCTAA  
601- AATCACGTTT TTTTGTGATA GACTGTCACT GGTTCCTTCA TATCTGTCCC TGCCTTGCTA  
661- AATTTAGCAG AATCCCTGAG GACATGGCCT CTGAGAATAG CAGCTGCATT TCCCAGACTC  
721- CCTTGCAGCT AGCAAGGTTG TGTGACTAAG CCCTGGCCAG TAGGCATGGA AGTGAAGACT  
781- GTAATGTCCA AGTAATCCTT GGAAATAAAA GAACGTGCC TTAACTAACT TTGTCTGCT  
841- TCCCAGTGGC TGGATGTGGA GGAGGTGGAG AGCAGTTATG AGACTGGGAA AGAACGGGGC  
901- ACTCAAAGAG CCACACACAT C

**QCM 1. L'exon 1 de ce gène :**

- A- Est codant.
- B- Est non codant.
- C- Est partiellement codant.
- D- Est partiellement non-codant.
- E- Sera transcrit.

**QCM 2. Concernant ce gène :**

- A- Le codon stop est situé sur les nucléotides 39 à 41 de l'exon 2.
- B- Le codon stop est situé sur les nucléotides 47 à 49 de l'exon 3.
- C- Le codon stop est situé sur les nucléotides 437 à 439 de l'exon 4.
- D- Le signal de polyadénylation est localisé dans l'exon 3.
- E- Le signal de polyadénylation est localisé dans la région intronique située après l'exon 4.

**QCM 3. Vous avez à votre disposition un court fragment d'ADN simple brin dont la séquence est :**

<sup>5'</sup>GAAATAGCCAAGGATATTCAGGGTGTGCCTGGGAAGTTTGA<sup>3'</sup>

**Ce fragment d'ADN simple brin peut s'hybrider :**

- A- De façon partielle au niveau de la fin du brin antisens de l'exon 3.
- B- De façon partielle au niveau du début du brin antisens de l'exon 4.
- C- De façon partielle au niveau de la fin du brin sens de l'exon 3.
- D- De façon partielle au niveau du début du brin sens de l'exon 4.
- E- Entièrement sur le brin antisens de l'ADNc KCNE1.

**QCM 4. Appariement des bases de l'ADN nucléaire humain :**

- A- D'après les règles de Chargaff, les rapports A/C et T/G sont égaux à 1.
- B- L'adénine sous forme céto s'apparie avec la thymine sous forme amino.
- C- La cytosine sous forme imino s'apparie avec l'adénine sous forme amino.
- D- La guanine sous forme énoil s'apparie avec la thymine sous forme céto.
- E- La cytosine méthylée s'apparie uniquement à la thymine.

**QCM 5. L'ADN mitochondrial :**

- A- Il est enchâssé dans la membrane interne à proximité de la chaîne respiratoire mitochondriale.
- B- Son système de réparation des lésions est beaucoup plus efficace que celui de l'ADN nucléaire.
- C- Il ne contient pas de séquences répétées intergéniques, ni d'introns.
- D- Le brin H et le brin L contiennent des informations génétiques strictement identiques.
- E- Les gènes transcrits donnent lieu à plus d'ARNm codants que d'ARN non-codants.

**QCM 6. ADN nucléaire humain et chromatine :**

- A- La forme B de l'ADN est favorisée par la présence d'eau car la région interne de la double hélice d'ADN est fortement hydrophile.
- B- La structure double brin de l'ADN humain est stabilisée par la formation de deux liaisons hydrogène entre deux bases pyrimidiques et trois liaisons hydrogène entre deux bases puriques.
- C- Le grand sillon de l'ADN sous forme B permet la fixation de protéines et d'ARN régulateurs.
- D- Le nucléosome correspond à l'enroulement d'un fragment d'ADN double brin autour d'un octamère d'histones impliquant H1, H2A, H2B, H3.
- E- L'hétérochromatine correspond à des zones chromosomiques peu condensées essentiellement sous forme de fibre chromatinienne de 10 nm.

**QCM 7. Organisation du génome humain :**

- A- La majorité de la séquence d'un gène n'est pas codante.
- B- Un gène niché peut se trouver dans un intron d'un autre gène.
- C- Les séquences intergéniques représentent 25% de l'ADN humain.
- D- Les séquences SINE sont des éléments transposables capables de coder une transcriptase inverse et une endonucléase.
- E- L'ADN hautement répétitif est constitué de séquences de quelques paires de bases à quelques centaines de paires de bases répétées en tandem.

**QCM 8. Les longs ARN non codants (lncARN) :**

- A- La plupart sont faiblement exprimés.
- B- Ils participent à la régulation de l'expression génique.
- C- Les gènes des lncARN antisens sont transcrits dans la direction opposée d'un gène codant et leur séquence chevauche au moins un exon codant.
- D- Certains lncARN peuvent se lier à des microARN et ainsi inhiber leurs fonctions.
- E- Certains lncARN peuvent guider des complexes protéiques vers leurs gènes cibles.

**QCM 9. Lors de la réplication de l'ADN :**

- A- Des amorces d'ARN sont nécessaires pour initier la réplication sur le brin retardé uniquement.
- B- La fonction des hélicases est d'induire des surenroulements négatifs.
- C- L'ouverture de la double hélice d'ADN nécessite l'hydrolyse d'ATP.
- D- L'ADN polymérase I procaryote possède une activité exonucléasique 5'→3'.
- E- Les fragments d'Okazaki ont la même taille chez les eucaryotes et les procaryotes.

**QCM 10. En ce qui concerne les mécanismes de réparation de l'ADN :**

- A- Chez les eucaryotes, il existe deux systèmes de réparation des cassures double brin dont l'un (la recombinaison homologe) répare fidèlement les lésions.
- B- Le gène BRCA2, impliqué dans la réparation NER, est muté dans certains cancers du sein.
- C- Le système NER répare des lésions plus volumineuses que le système BER.
- D- Ils sont tous spécifiques d'un type précis de lésion.
- E- Ils ne font jamais intervenir d'ADN polymérases.

**QCM 11. A propos des lésions de l'ADN :**

- A- Elles peuvent apparaître en dehors de la réplication.
- B- Les dimères de thymine entraînent la formation de pontages inter-brins.
- C- Elles entraînent toujours une modification de la séquence d'ADN.
- D- Les agents alkylants, la lumière ultraviolette et l'aflatoxine B1 sont des agents mutagènes.
- E- La désamination d'une cytosine en xanthine provoque une substitution par transversion.

**QCM 12. A propos de la transcription eucaryote :**

- A- L'ARN polymérase II transcrit entre autres les ARNm et les microARN.
- B- La boîte de Pribnow (5' TATAAT 3') est une séquence consensus présente dans les séquences promotrices.
- C- Des complexes ribonucléoprotéiques participent au mécanisme d'épissage.
- D- Le signal de polyadénylation (PAS) est composé de quatre séquences.
- E- Les microARN se lient à des ARN présentant une 7-méthylguanosine en 5' de leur séquence.

**QCM 13. A propos de la traduction :**

- A- 61 codons sens correspondent à 22 acides aminés protéinogènes.
- B- Une mutation faux-sens introduit un décalage dans le cadre de lecture d'un ARNm.
- C- La liaison peptidique réalisée par une protéine ribozyme a lieu au niveau du site P du ribosome.
- D- L'hydrolyse de protéines G triphosphate en protéines G diphosphate apporte l'énergie nécessaire à la réalisation des étapes d'initiation et d'élongation de la traduction.
- E- En absence de glucose, l'ARN polycistronique de l'opéron glucose sera traduit en différentes protéines, toutes impliquées dans le métabolisme du glucose.

**QCM 14. Le facteur de transcription HIF1 alpha :**

- A- Est régulé par la concentration en glucose.
- B- Est activé dans le syndrome de Silver-Russel.
- C- Est à l'origine d'une néo-vascularisation.
- D- Est stabilisé par hydroxylation d'un résidu proline.
- E- Est dégradé par l'ubiquitine ligase VHL.

**QCM 15. La répression transcriptionnelle d'un gène est associée à :**

- A- Une compaction de la chromatine.
- B- Une hypométhylation de son promoteur.
- C- Une hyperacétylation des histones.
- D- Un recrutement d'histones déacétylases.
- E- Une hypométhylation des histones.

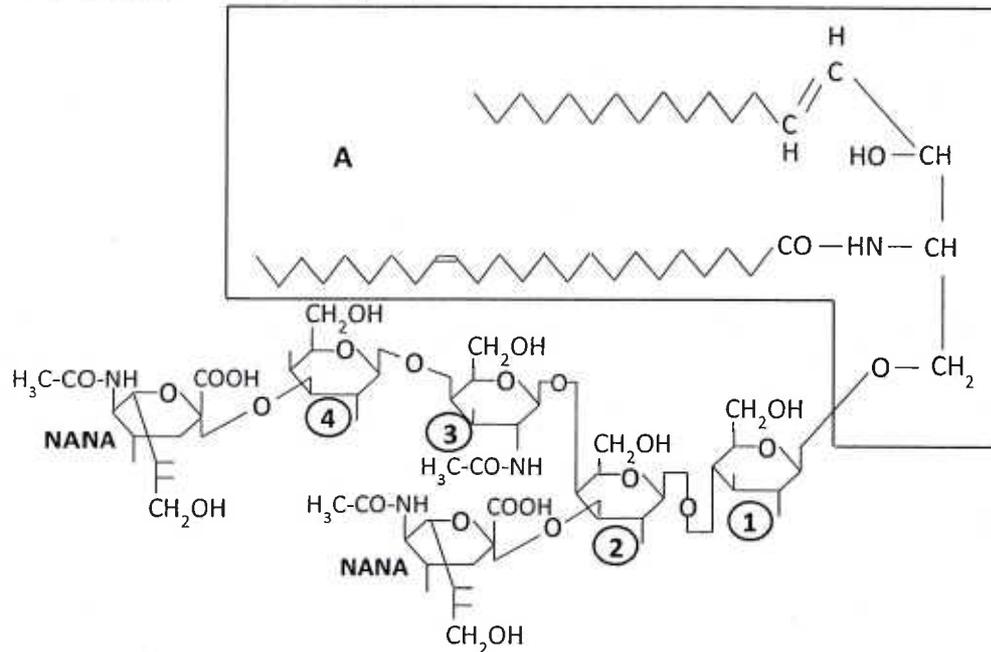
**QCM 16. Les récepteurs nucléaires :**

- A- Recrutent des histones acétyl transférases.
- B- Se fixent sur des séquences *trans* régulatrices.
- C- Sont présents sous forme dimérique dans le cytosol.
- D- Interagissent avec l'ADN via leur domaine Leucine zipper.
- E- Sont activés par liaison d'hormones hydrophobes.



**Enoncé commun aux QCM 21 à 23.**

**Soit le lipide complexe Z suivant :**



**QCM 21. D'après sa formule chimique, le lipide complexe Z :**

- A- Contient une molécule de céramide.
- B- Contient une molécule de glycérol.
- C- Est un glycosphingolipide acide.
- D- Est le GD1a.
- E- Est le GD1b.

**QCM 22. L'acide gras présent dans le lipide complexe Z :**

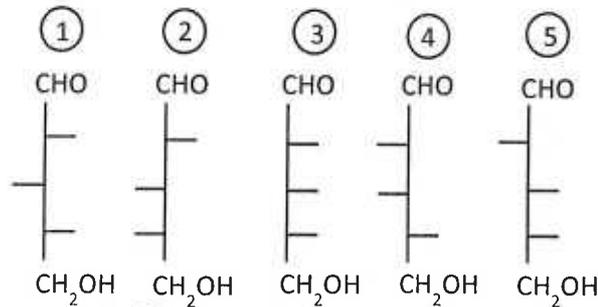
- A- Appartient à la série n-9.
- B- Est synthétisé à partir de l'acide oléique.
- C- Est le C22 :1 (9).
- D- Est l'acide cérébronique.
- E- Est un acide gras indispensable.

**QCM 23. Soient les oses 1, 2, 3, 4 présents dans le lipide complexe Z :**

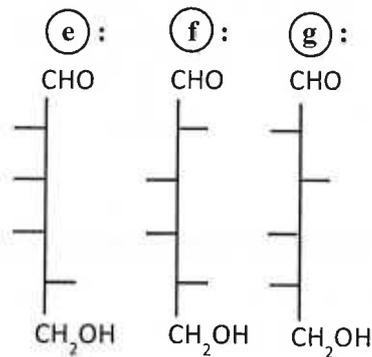
- A- Le diholoside constitué des oses 2 et 1 est le lactose.
- B- La liaison osidique entre les oses 3 et 2 est de type  $\beta$  1 $\rightarrow$ 4.
- C- La liaison osidique entre les oses 2 et 1 est hydrolysable par une  $\beta$  glucosidase.
- D- La liaison osidique entre l'acide sialique (NANA) et l'ose 2 est de type  $\alpha$  2 $\rightarrow$ 3.
- E- La liaison osidique entre l'ose 1 et la molécule A est de type  $\alpha$  1 $\rightarrow$ 1.

**QCM 24. Associer les pentoses (1 à 5) aux hexoses (a à g) qu'ils sont susceptibles de donner par synthèse de Killiani-Fischer :**

**Pentoses :**



**Hexoses :** (a) : D-glucose; (b) : D-mannose; (c) : D-galactose ; (d) : L-mannose



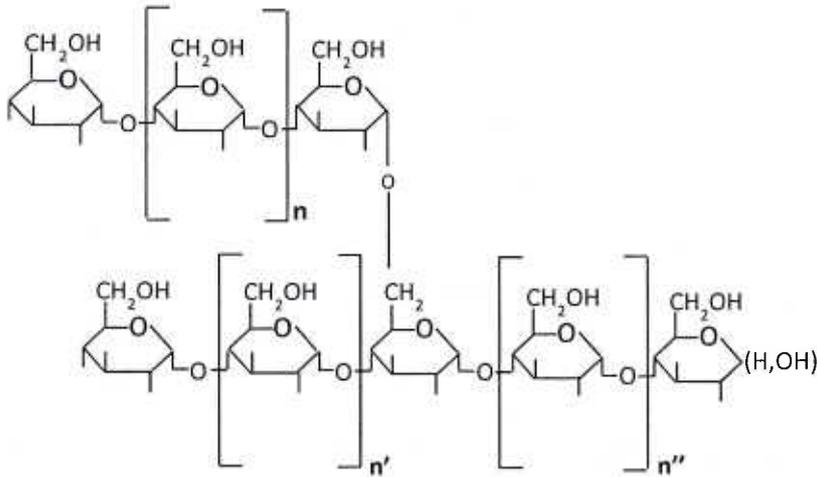
- A - Pentose 1 et hexoses a et b.
- B - Pentose 2 et hexoses d et g.
- C - Pentose 3 et hexoses b et c.
- D - Pentose 4 et hexoses e et f.
- E - Pentose 5 et hexoses a et b.

**QCM 25. L'acide D-glucuronique :**

- A - Peut être obtenu par oxydation de la fonction alcool primaire du D-glucose.
- B - Est un composant de la sous-unité diosidique de l'acide hyaluronique.
- C - Est un ose non réducteur.
- D - Est un glucosane.
- E - Permet la détoxification de molécules endogènes et exogènes selon le processus de glucuronoconjugaison.

**Enoncé commun aux QCM 26 et 27.**

**Soit la séquence partielle W d'un homopolyside :**



**QCM 26. Cette séquence W peut appartenir à (aux) homopolyside(s) suivant(s) :**

- A - Glycogène.
- B - Cellulose.
- C - Amylose.
- D - Amylopectine.
- E - Héparine.

**QCM 27. Au cours de son catabolisme, la séquence W pourra donner les molécules suivantes :**

- A - Maltose.
- B - Isomaltose.
- C - Saccharose.
- D - Glucose-1-phosphate.
- E -  $\beta$ -D-Glucose.

**QCM 28. Les acides aminés protéinogènes et la structure des protéines :**

- A- H et K sont les deux seuls acides aminés purement cétoènes.
- B- Y est un précurseur de dopamine.
- C- E est précurseur d'un neurotransmetteur inhibiteur du système nerveux central : le GABA.
- D- I, M et Q ont des chaînes latérales apolaires.
- E- La non phosphorylation des résidus prolyl et lysyl dans le collagène conduit à une pathologie grave : le scorbut.

**QCM 29. Les acides aminés protéinogènes et la structure des protéines :**

- A- L'histidine est le seul acide aminé dont la fonction amine portée par le carbone alpha est une fonction amine secondaire.
- B- Lors d'une électrophorèse, lorsque le pH est supérieur au point isoélectrique d'un acide aminé, ce dernier va migrer vers la cathode.
- C- Lors de la séparation des acides aminés sur une colonne échangeuse d'anions, les acides aminés sont élués selon leur ordre croissant de point isoélectrique.
- D- La phénylcétonurie est une maladie génétique liée à un défaut d'activité de la phénylalanine hydroxylase qui permet de métaboliser F en Y.
- E- La leucine a un groupement isobutyle dans sa chaîne latérale.

**QCM 30. Les acides aminés protéinogènes et la structure des protéines :**

- A- La structure tertiaire des protéines correspond à l'organisation tridimensionnelle de la protéine par repliement de la structure secondaire.
- B- Les boucles et les coudes sont des structures secondaires régulières permettant de relier entre elles les hélices  $\alpha$  et les feuillets plissés  $\beta$ .
- C- Dans la chaîne polypeptidique, les résidus d'hydroxy-lysine peuvent être O-glycosylés.
- D- Sous forme libre, les acides aminés G et E sont tous deux des neurotransmetteurs inhibiteurs du système nerveux central.
- E- La structure tertiaire des protéines peut être stabilisée par la formation de ponts disulfures entre les chaînes latérales des résidus cystéyles.

**QCM 31. Les acides aminés protéinogènes et la structure des protéines :**

- A- La présence de résidus de sélénocystéine dans une chaîne polypeptidique résulte d'une modification post-traductionnelle des résidus sérine.
- B- Les domaines intra-membranaires des protéines transmembranaires sont souvent constitués d'hélices  $\alpha$  amphipathiques.
- C- Le motif hélice-boucle-hélice retrouvé dans les protéines HLH Myc et MyoD est un motif de liaison à l'ADN.
- D- Les liaisons hydrogène qui stabilisent les feuillets plissés  $\beta$  antiparallèles sont régulièrement espacées mais non parallèles entre elles.
- E- Au pH physiologique, le noyau imidazole de H est ionisé (pour rappel valeurs de pKa de H : pKa<sub>1</sub> = 1,8 ; pKa<sub>2</sub> = 9,2 ; pKa<sub>R</sub> = 6).

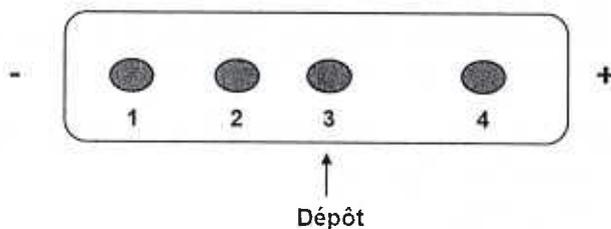
**QCM 32. Les acides aminés protéinogènes et la structure des protéines :**

- A- Les acides aminés E et A sont préférentiellement retrouvés dans les hélices  $\alpha$ .
- B- S et T sont des acides aminés protéinogènes qui peuvent subir 2 types de modification post-traductionnelle : une phosphorylation et une O-glycosylation.
- C- Tous les acides aminés protéinogènes sont des molécules qui ont la capacité de dévier le plan de la lumière polarisée.
- D- L'albinisme est une pathologie génétique résultant d'une inactivation fonctionnelle de la phénylalanine hydroxylase ne permettant plus la biosynthèse de Y à partir de F.
- E- La pellagre est une pathologie associée à un déficit en W.

**QCM 33. Soient les 4 acides aminés protéinogènes R, I, D, H dont les valeurs de pKa sont reportées dans le tableau ci-dessous :**

	pKa <sub>1</sub>	pKa <sub>2</sub>	pKa <sub>R</sub>
R	2,2	9	12,5
I	2,4	9,6	
D	1,9	9,6	3,7
H	1,8	9,2	6

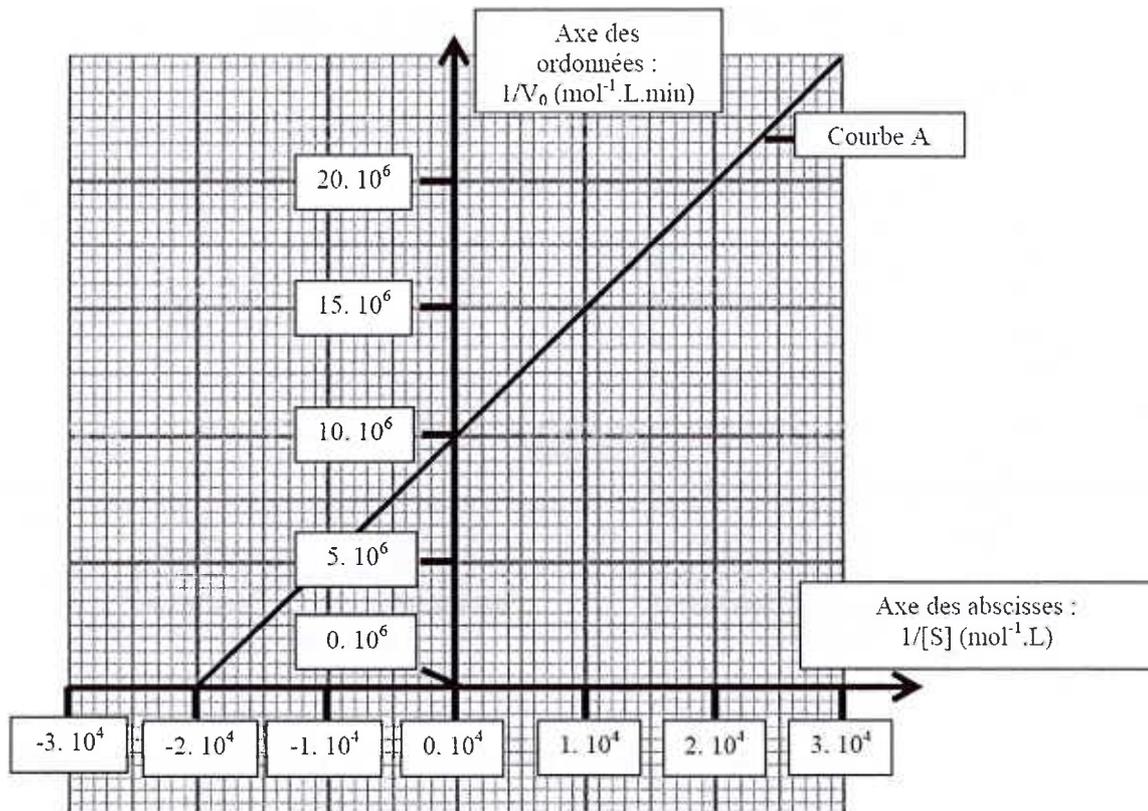
**La séparation électrophorétique à pH = 6 des acides aminés R, I, D et H donne les 4 spots ci-dessous. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle qui correspond à l'ordre de migration :**



- A- 1 D ; 2 H ; 3 I ; 4 R.
- B- 1 D ; 2 I ; 3 H ; 4 R.
- C- 1 R ; 2 I ; 3 H ; 4 D.
- D- 1 R ; 2 H ; 3 I ; 4 D.
- E- 1 R ; 2 I ; 3 D ; 4 H.

**Enoncé commun aux QCM 34 et 35.**

L'étude cinétique d'une enzyme michaelienne E transformant le substrat S en produit P est représentée sur le graphique ci-dessous (courbe A). Les conditions expérimentales permettent d'être dans le domaine d'application de l'équation de Michaelis-Menten. L'enzyme E est constituée d'une apoenzyme et d'un coenzyme de type groupement prosthétique. La concentration totale en enzyme E ( $[E]_0$ ) dans le milieu réactionnel est de 1 pM soit  $10^{-12}$  mol.L<sup>-1</sup>. Avec  $V_0$  : vitesse initiale ; [S] : concentration en substrat S ;  $K_m$  : constante de Michaelis-Menten,  $K_{cat}$  : constante catalytique ;  $V_{max}$  : vitesse initiale maximale.



**QCM 34. Quelle(s) est (sont) la (les) réponse(s) exacte(s) à propos de cette étude cinétique :**

- A- La représentation graphique de l'étude cinétique est la représentation de Michaelis-Menten.
- B- La représentation graphique de l'étude cinétique est la représentation de Lineweaver-Burk.
- C- La vitesse initiale maximale ( $V_{max}$ ) peut être calculée à partir de l'ordonnée à l'origine de la courbe A.
- D- L'équation de la courbe A est  $1/V_0 = (V_{max} \cdot [S]) / (K_m + [S])$ .
- E- Le coenzyme et l'apoenzyme de l'enzyme E sont liés de manière covalente.

**QCM 35. Quelle(s) est (sont) la (les) réponse(s) exacte(s) à propos de cette étude cinétique :**

- A -  $V_{max} = 0,5 \cdot 10^{-4}$  mol.L<sup>-1</sup>.min<sup>-1</sup>.
- B -  $V_{max} = 10^{-7}$  mol.L<sup>-1</sup>.min<sup>-1</sup>.
- C -  $K_m = 0,5 \cdot 10^{-4}$  mol.L<sup>-1</sup>.
- D -  $K_m = 0,1 \cdot 10^{-6}$  mol.L<sup>-1</sup>.
- E -  $K_{cat} = 10^{-5}$  min<sup>-1</sup>.

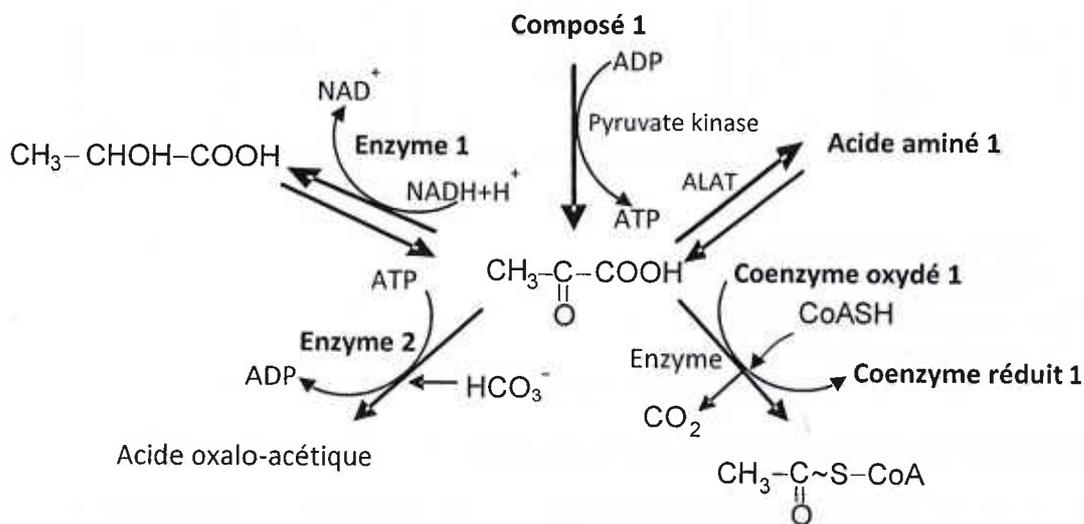
**QCM 36. La glycolyse anaérobie et la voie des pentoses-phosphate ont en commun :**

- A - Le fructose-6-phosphate.
- B - La production de  $\text{NADH}, \text{H}^+$ .
- C - D'être actives dans le cytosol.
- D - De posséder majoritairement des intermédiaires phosphorylés.
- E - D'être activées par l'insuline.

**QCM 37. Concernant le métabolisme tissulaire au cours d'un jeûne prolongé :**

- A - La bêta-oxydation devient la principale source énergétique pour les globules rouges.
- B - La néoglucogénèse fonctionne dans les cellules musculaires.
- C - La cétogénèse hépatique permet de fournir du glucose au cerveau.
- D - La protéolyse musculaire contribue largement à la néoglucogénèse hépatique.
- E - Le foie utilise principalement les corps cétoniques comme source énergétique.

**QCM 38. Soit le carrefour métabolique suivant :**



- A - Le composé 1 est le malate.
- B - L'enzyme 1 est la lactate déshydrogénase.
- C - L'acide aminé 1 est l'acide aspartique.
- D - Le coenzyme oxydé 1 et le coenzyme réduit 1 sont respectivement le  $\text{NADP}^+$  et le  $\text{NADPH}, \text{H}^+$ .
- E - L'enzyme 2 est la pyruvate déshydrogénase.

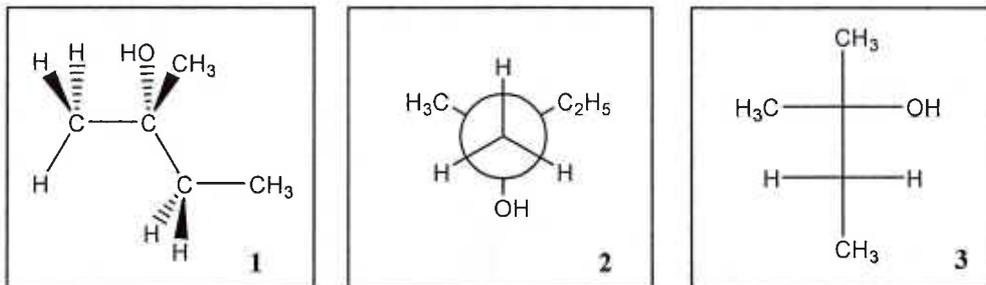
**QCM 39. L'acétyl-CoA carboxylase :**

- A - Elle synthétise de l'oxalo-acétate à partir d'acétyl-CoA et d'ions  $\text{HCO}_3^-$ .
- B - Elle catalyse une réaction irréversible.
- C - Elle consomme une molécule d'ATP.
- D - Elle est inhibée par l'insuline.
- E - Elle catalyse une réaction mitochondriale.

**QCM 40. Le cycle de Krebs :**

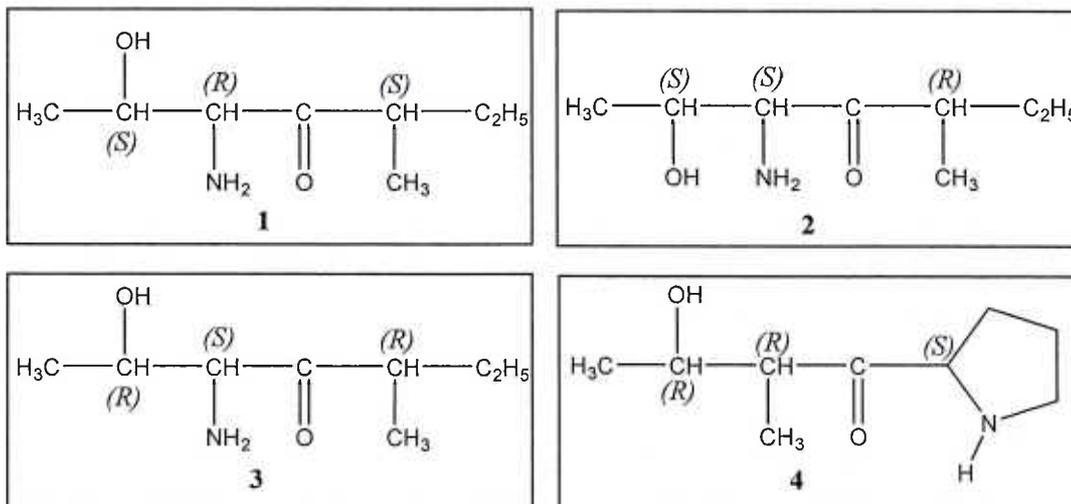
- A - Il comporte trois réactions irréversibles catalysées dans l'ordre successif par la citrate synthase, l'isocitrate déshydrogénase et l' $\alpha$ -cétoglutarate déshydrogénase.
- B - Il comporte 8 étapes dont 1 de condensation, 4 de décarboxylation, 2 d'oxydation et 1 de phosphorylation du GDP.
- C - Il utilise 7 enzymes solubles et une enzyme membranaire également impliquée dans la chaîne respiratoire mitochondriale.
- D - Il est inhibé en présence de grandes quantités d'ADP et de  $\text{NAD}^+$ .
- E - Il produit 12 ATP à partir d'une molécule d'acétyl-CoA.

**QCM 41. Concernant les représentations 1, 2 et 3 suivantes :**



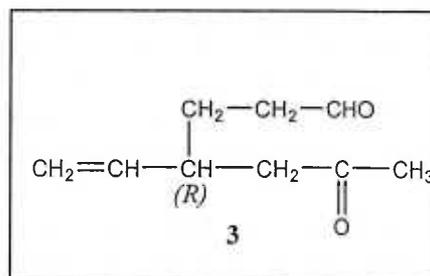
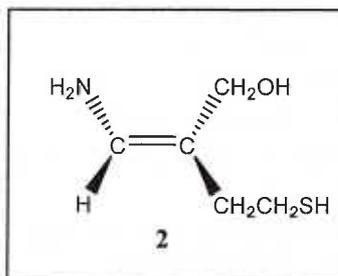
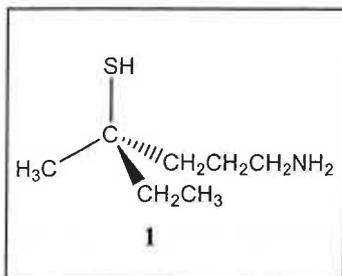
- A- 1 contient un carbone asymétrique.
- B- 2 contient un carbone asymétrique.
- C- 2 est une représentation de CRAM.
- D- 2 et 3 représentent le même composé.
- E- 1, 2 et 3 représentent toutes les trois le même composé.

**QCM 42. Concernant les composés 1, 2, 3 et 4 suivants :**



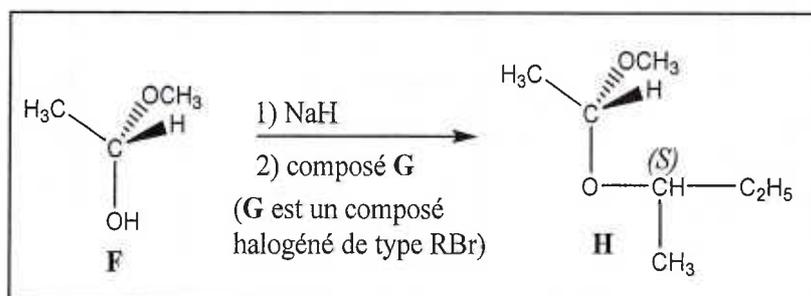
- A- 1 et 2 sont diastéréoisomères.
- B- 1 et 3 sont énantiomères.
- C- 1 et 4 sont isomères de constitution.
- D- 2 et 3 sont isomères de constitution.
- E- 2 et 4 sont énantiomères.

QCM 43. Concernant les composés 1, 2 et 3 suivants :



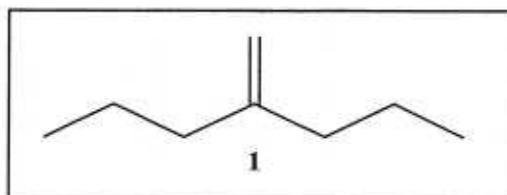
- A- 1 est le (R)-6-amino-3-méthylhexane-3-thiol.
- B- 1 est le (R)-5-amino-2-éthylpentane-2-thiol.
- C- 1 est en configuration S.
- D- 2 est en configuration Z.
- E- 3 est la (R)-4-(3-oxopropyl)hex-5-èn-2-one.

QCM 44. Concernant la réaction suivante :



- A- Le composé F est en configuration R.
- B- Le composé G est le (R)-2-bromobutane.
- C- Le composé H possède deux carbones asymétriques tous les deux en configuration S.
- D- Un des deux carbones asymétriques du composé H est en configuration R.
- E- La 2<sup>ème</sup> étape (réaction avec G) est une substitution nucléophile de mécanisme SN2.

QCM 45. Soit l'alcène 1 suivant :



- A- 1 est le seul alcène obtenu par déshydratation du 2-propylpentan-1-ol en milieu H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>/chauffage.
- B- La déshydratation du 2-propylpentan-1-ol en milieu H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>/chauffage permet d'obtenir l'alcène 1 en mélange avec un régioisomère.
- C- 1 est obtenu en mélange avec d'autres alcènes par déshydratation du 4-méthylheptan-4-ol en milieu H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>/chauffage.
- D- 1 est obtenu en mélange avec d'autres alcènes par déshydratation du (S)-3-méthylhexan-3-ol en milieu H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>/chauffage.
- E- 1 est obtenu en mélange avec d'autres alcènes par déshydratation du (S)-4-méthylheptan-1-ol en milieu H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>/chauffage.

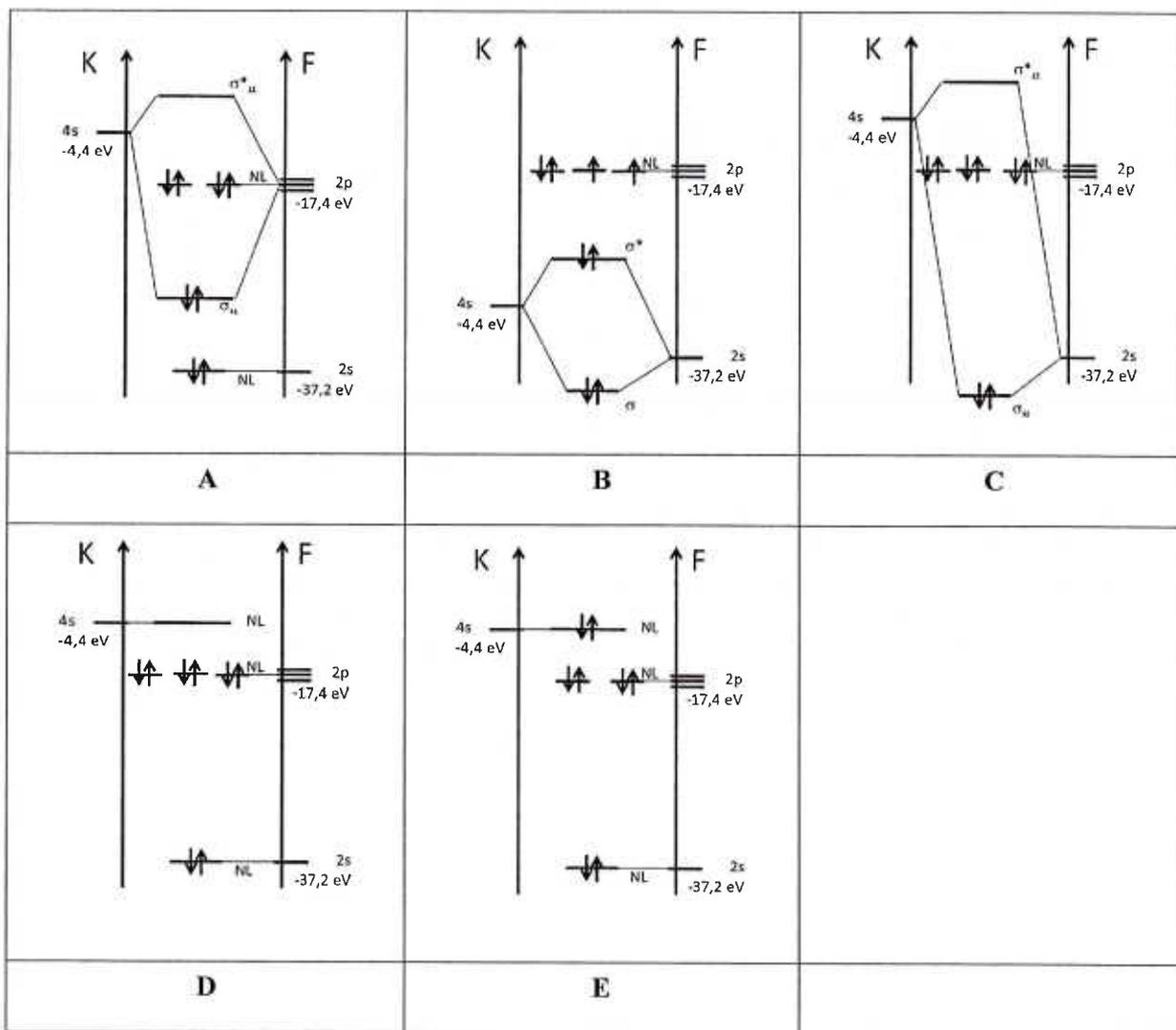
**QCM 46. A propos du modèle d'un atome :**

- A- Deux électrons ne peuvent avoir les quatre nombres quantiques identiques.
- B- Trois électrons dans la même case quantique sont de spin opposé.
- C- Le Chlore  ${}^{37}_{17}\text{Cl}$  a 17 protons et 20 neutrons.
- D- Il y a 207 éléments connus dont 31 artificiels.
- E- Le recouvrement entre une orbitale 2p<sub>y</sub> et 2p<sub>x</sub> est un recouvrement latéral.

**QCM 47. Soit la molécule KF. Parmi les diagrammes proposés (A à E) des niveaux d'énergie des orbitales moléculaires de KF, indiquez celui qui est exact :**

Données : Potassium Z = 19 ; (E<sub>4s</sub> = -4,4 eV).

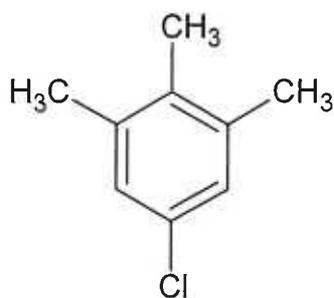
Fluor Z = 9 ; (E<sub>2s</sub> = -37,2 eV, E<sub>2p</sub> = -17,4 eV).



QCM 48. A propos de la molécule KF :

- A- L'ordre de la liaison est de 0.
- B- L'ordre de la liaison est de 1.
- C- La liaison est ionique.
- D- L'énergie d'ionisation est égale à 4,4 eV.
- E- L'énergie d'ionisation est égale à 17,4 eV.

QCM 49. Calculer le moment dipolaire de la molécule suivante :



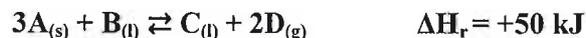
Données :

Electronégativité : C = 2,55 / H = 2,2 / N = 3,0 / Cl = 3,16

Moment dipolaire : CH = 0,4D / CCl = 1,5D / CC = 0D / CN = 1D.

- A- 0,0 D.
- B- 0,8 D.
- C- 1,9 D.
- D- 2,3 D.
- E- 2,7 D.

QCM 50. Dans un réacteur dont l'enceinte est dilatable, on effectue la réaction suivante :



Parmi les propositions suivantes, la(les)quelle(s) est(sont) exacte(s) :

- A- Si on augmente la pression, la réaction est déplacée dans le sens indirect.
- B- Si on diminue la température, la réaction est déplacée dans le sens indirect.
- C- Si on ajoute du X<sub>(l)</sub>, la réaction est déplacée dans le sens indirect (X<sub>(l)</sub> n'étant pas A, B, C, D).
- D- Si on ajoute du A<sub>(s)</sub>, la réaction est déplacée dans le sens direct.
- E- La réaction est endothermique.

