

TUTORAT SANTÉ BORDEAUX

Tutorat des Associations Etudiantes soutenu par université BORDEAUX

Préparation aux Concours Médicaux et Paramédicaux



Médecine



Pharmacie



Maïeutique



Odontologie



Filières
Paramédicales

Kinésithérapie
Ergothérapie
Psychomotricité
Manip. Radio
Podologie

CORRECTION - ED n°1 - UE1B

Date - Fait par Fait avec toute l'efficacité, l'inspiration et la sensualité de la séance du mercredi: Athéna, Jafar, Bah, Bébé Paul, Nik (dois-je vraiment en rajouter?), Kraken anonyme, Maëva Longoria, Debora sans H, Scarlett et Saravale sa bière

QCM 1 : ACDE

B. **FAUX**, un acide nucléique est une macromolécule, alors qu'un nucléotide est une petite molécule.

QCM 2 : ADE (Je n'ai pas de Ferrari actuellement)

B. **FAUX**, c'est à partir des acides aminés que l'on obtient des protéines.

C. **FAUX**, pour les médiateurs à action locale qui agissent sur d'autres cellules proches, on parle de **paracrinie**. L'autocrinie s'observe lorsqu'une molécule sécrétée par une cellule agit sur celle-ci.

QCM 3 : BE

A. **FAUX**, les acides aminés en excès ne sont jamais stockés mais dégradés et éliminés sous forme d'urée qui a l'avantage d'être hydrosoluble, favorisant ainsi son excrétion dans les urines.

B. **VRAI**, il faut se souvenir des diagrammes de prédominance des acides aminés.

Rappel: pour un AA acide, on calcule le point isoélectrique à partir des deux pKa les plus bas correspondants aux fonctions -COOH.

A pH physiologique ($\approx 7,4$), les acides aminés dicarboxyliques sont sous forme d'anions ou carboxylates.

C. **FAUX**, c'est la **vitamine K** qui permet la carboxylation de l'acide glutamique. Cette carboxylation permet la formation de protéines de coagulation du sang et ainsi la fixation du calcium (rôle important dans la coagulation).

D. **FAUX**, l'action de la ninhydrine détruit bien les deux fonctions de l'acide aminé cependant son action sur la proline forme un composé jaune et non pourpre, il s'agit d'une exception.

QCM 4 : B

- A. **FAUX**, tous les acides aminés absorbent à une longueur d'onde inférieure à 230 nm. Les acides aminés aromatiques du fait de la délocalisation des électrons au sein de leur cycle, ont un spectre bien particulier. La tyrosine et le tryptophane ont un maximum d'absorption à 280 nm tandis que la phénylalanine présente un pic d'absorption à 260 nm. Tous acides aminés aromatiques n'ont donc pas un maximum d'absorption à 280 nm.
- B. **VRAI**, la cystéine est un acide aminé soufré qui peut établir des liaisons disulfures entre deux atomes de soufre. Ces liaisons jouent un rôle dans la stabilisation de la structure tertiaire des peptides ou des protéines. Ce sont donc bien des modifications post-traductionnelles.
- C. **FAUX**, la glutamate décarboxylase catalyse la décarboxylation (donc le départ d'une molécule de CO₂) du glutamate en GABA (acide gamma aminobutyrique qui est un neuromédiateur du SNC). Par contre, la carboxylation du glutamate conduit au gamma carboxyglutamate.
- D. **FAUX**, la sérine est un précurseur de la synthèse de l'acétylcholine, un excitateur du SNC. C'est le tryptophane qui est à l'origine de la synthèse de la sérotonine.
- E. **FAUX**, l'ALAT (alanine transaminase) et l'ASAT (aspartate transaminase) font parties de la famille des transaminases mais elles ne catalysent pas les mêmes réactions. L'ALAT permet la formation de **pyruvate** et de glutamate à partir de l'**alanine** et de l' α -cétoglutarate. L'ASAT permet la formation **d'oxaloacétate** et de glutamate à partir de l'**aspartate** et de l' α -cétoglutarate.

QCM 5 : DE

- A. **FAUX**, il s'agit ici de l'acide aspartique. Or celui ci ne fait pas partie des acides aminés essentiels.
Pour rappel, les aa essentiels sont: LEU THR LYS TRP PHE VAL MET ILE
(Petit mémo: Le Très Lyrique Tristan Fait Vachement Marcher Iseulte).
- B. **FAUX**, il est chargé négativement à pH physiologique car c'est un acide dicarboxylique facilement ionisable. Une fonction carboxyle va voir son oxygène déprotoné. On aura donc R-COO⁻.
- C. **FAUX**, l'acide glutamique a 5 carbones contrairement à l'acide aspartique ici représenté qui en a 4.

QCM 6 : ACDE

- B. **FAUX**, un peptide contient entre 2 et 100 acides aminés.
- C. **VRAI**, la masse moléculaire d'un peptide est inférieure à 10 000 Daltons donc elle peut être inférieure à 1000 Daltons.

QCM 7 : AD

- A. **VRAI**, le peptide absorbe à moins de 230nm dans l'UV dans tous les cas et aussi au delà s'il possède un ou plusieurs acides aminés aromatiques (260nm pour PHE et 280nm pour TYR et TRP).
- B. **FAUX**, à pH=8, la fonction carboxylique libre du Glutamate et celle de la Lysine terminale sont ionisée COO⁻ parce qu'on est delà du pKa du COOH (-2). Mais on a

aussi la fonction amine libre de la Valine et celle du radical de la Lysine qui sont ionisées parce qu'on est à un pH en dessous du pKa (+2). La charge globale du peptide est donc égale à 0.

- C. **FAUX**, à pH=1, la fonction amine terminale de la Valine et celle de la Lysine sont ionisées. On a donc une charge globale à +2.
- D. **VRAI**, la ninhydrine est capable de colorer les peptides de moins de 5 résidus (un résidu est un acide aminé en liaison). Au delà de 4 résidus, on pourra se servir de la réaction de Biuret qui forme un complexe de coordination avec l'ion cuivre et les protéines du sérum humain.
- E. **FAUX**, les molécules de poids moléculaire > 10kDa sont non dialysables. En effet leur poids moléculaire élevé ne leur permet pas de passer directement à travers une membrane perméable.

QCM 8 : D

- A. **FAUX**, l'hepcidine participe bien à la régulation du fer mais elle est d'origine hépatique.
- B. **FAUX**, c'est l'hypophyse postérieure qui ne peut synthétiser que de l'ocytocine ou de la vasopressine. L'hypophyse antérieure peut sécréter de la TSH, LH, FSH, POMC, de la prolactine ou de l'hormone de croissance (GH).
- C. **FAUX**, c'est l'hypothalamus qui est capable de sécréter de la TRH. Cette TRH stimule la production de TSH hypophysaire qui elle-même stimule la sécrétion des hormones thyroïdiennes.
- E. **FAUX**, l'insuline est synthétisée par les cellules bêta des îlots de Langerhans pancréatiques.

QCM 9 : ABE

- A. **VRAI**, au dessus d'un PM de 10 000Da, on a affaire à une protéine. En dessous, c'est un peptide.
- B. **VRAI**, il s'agit bien de la définition d'une hétéroprotéine, à ne pas confondre avec une holoprotéine composée uniquement de résidus d'acides aminés
- C. **FAUX**, la configuration de la liaison N-glycosidique est de type **BETA** ! Attention à bien lire l'item jusqu'au bout !
- D. **FAUX**, en effet la liaison entre le groupement lipidique et protéique peut se faire de façon covalente (dans le cas des N-myristoylations, palmitoylations, glypiations) ou non covalente dans le cas du transport des lipides dans le sang (HDL, LDL).
Remarque : généralement quand vous lisez le mot "uniquement" dans un item, il faut vous méfier.
- E. **VRAI**, en effet, lorsque l'érythropoïétine n'est pas/ou moins glycosylée, on observe une diminution de son activité et *in fine* une augmentation de son élimination par le rein.

QCM 10 : AC

- B. **FAUX**, la structure secondaire correspond au premier degré de repliement et est liée à la formation de liaisons hydrogènes qui sont des liaisons faibles.
- D. **FAUX**, la structure tertiaire d'une protéine est maintenue par des liaisons faibles (liaisons hydrogènes, Van der Waals, hydrophobes ou ioniques) mais aussi par liaisons covalentes fortes (ponts disulfures).

- E. **FAUX**, une protéine présente une structure quaternaire seulement s'il y a association de plusieurs chaînes polypeptidiques que l'on appelle sous-unités.

QCM 11 : ADE

- B. **FAUX**, les chaînes latérales sont toujours à l'extérieur de l'hélice.
- C. **FAUX**, l'hélice de collagène est plus étirée que l'hélice alpha, ce qui rend la formation de liaisons intra-chaînes impossible. Cette hélice tient donc par la mise en place de liaisons inter-chaînes.
- D. **VRAI**, la structure en doigt de gant est le motif principal des facteurs de transcription et des protéines se liant à l'ADN.
- E. **VRAI**, quand une protéine traverse un pore assez étroit, la traversée nécessite un déroulement de la protéine. Une première protéine chaperon déplie la protéine et une deuxième de l'autre côté permet le repliement normal de la protéine.

QCM 12 : C

- A. **FAUX**, la chromatographie de filtration sur gel fonctionne comme un tamis moléculaire **inversé**. En effet, les petites molécules sont retardées dans les grains micro-poreux de la colonne alors que les grosses molécules sortent en premier.
- B. **FAUX**, le SDS est bien un agent dénaturant, mais il apporte des charges **négatives** aux protéines.
- C. **VRAI**, en absence d'agent dénaturant, les protéines ne se scindent pas en sous-unités. On prend donc en compte les masses moléculaires des protéines natives. Ainsi, elles quittent la colonne selon un ordre de masse moléculaire décroissant. Ici, la protéine 3 est la plus lourde, suivie de la 2 et enfin de la 1. **L'ordre de sortie est donc bien 3 → 2 → 1.**
- D. **FAUX**, en présence de SDS, les protéines se scindent en sous-unités. On prend donc en compte les masses moléculaires des sous-unités et non pas de la protéine totale. La protéine 1 ne possède qu'une seule sous-unité de 15 kDa. La protéine 2 sera décomposée en deux sous-unités de 20 kDa chacune. La protéine 3 sera décomposée en cinq sous-unités de 10 kDa chacune. L'ordre est donc différent du cas où il n'y avait pas de SDS. La protéine 2 est désormais la plus lourde, suivie de la 1 et enfin de la 3. **L'ordre de sortie est donc 2 → 1 → 3.**
- E. **FAUX**, l'ordre est inversé, les protéines les plus lourdes sortent en premier.

QCM 13 : B

- A. **FAUX**, le support d'une électrophorèse **verticale** est l'**acrylamide**. On utilise du gel ou de l'acétate de cellulose lors d'une électrophorèse horizontale.
- B. **VRAI**, il est important de connaître les différents supports ainsi que leur action sur les protéines.
- le papier et acétate de cellulose séparent les protéines selon leur charge.
 - le gel d'agarose et d'acrylamide les séparent selon la charge et la taille.
 - le gel d'acrylamide + SDS les séparent selon leur taille.
- C. **FAUX**, dans le cas d'une colonne échangeuse de cations, les grains de cellulose seront chargés négativement pour retenir les cations d'une solution.

- D. **FAUX**, le Western blot est basé sur une reconnaissance d'anticorps spécifiques sur une feuille de polymère ayant fixé les protéines. On révèle ensuite la protéine d'intérêt par un marqueur. Il s'agit d'une technique d'électrophorèse en 1D.
- E. **FAUX**, la focalisation électrique est la première étape d'une électrophorèse en 2D. Les protéines migrent dans un champ électrique jusqu'à l'endroit où le pH est égal à leur pHi, au cours d'une électrophorèse horizontale.
- La deuxième étape correspond à une électrophorèse verticale dans un gel de polyacrylamide.

QCM 14 : ABCD

- A. **VRAI**, c'est une technique classique utilisée en analyse biochimique pour caractériser la masse d'une protéine.
- B. **VRAI**, c'est grâce à ces deux grandeurs que l'on va pouvoir établir et calculer un rapport masse/charge. C'est sur ce critère que l'on va pouvoir identifier les protéines présentes dans un mélange.
- C. **VRAI**, le temps de vol d'une protéine est caractéristique de celle-ci. Il se mesure depuis l'instant où le laser est allumé jusqu'à ce que la protéine atteigne le détecteur.
- D. **VRAI**, les protéines les plus petites et les plus chargées arrivent en premier au niveau du détecteur. Donc, logiquement, les protéines les plus lourdes et les moins chargées auront un temps de vol plus long et donc arriveront en dernier au niveau du récepteur.
- E. **FAUX**, la méthode "en tandem" couple 2 spectrométries. La 1ère sépare les différents peptides. On ne laisse passer qu'un peptide de taille particulière. La 2e est classique et permet de déterminer la séquence d'acides aminés de la protéine. Entre les deux, on a une cellule de collision où les protéines ionisées entrent en collision avec des atomes les faisant se désintégrer en acides aminés.

QCM 15 : ACE

Etapes	Protéines totales (mg)	Activité totale (UI)	Activité spécifique UI/mg	Indice de purification	Rendement de la purification (%)
Homogénat de départ	10 000	10 000	1	1	100
Précipitation par le sulfate d'ammonium	4 000	6 000	1,5	1,5	60
Chromatographie d'affinité	200	4 000	20	13,3	66,6

Les valeurs indiquées dans ce tableau sont les valeurs par étape et non globales.

B. **FAUX**, $AS_{\text{chromatographie d'affinité}} = \frac{\text{Activité totale}}{\text{milligrammes de protéines}} = \frac{4000}{200} = 20$

C. **VRAI**, $IP_{\text{précipitation}} = \frac{AS_{\text{après purification}}}{AS_{\text{avant purification}}} = \frac{1,5}{1} = 1,5$

D. **FAUX**, $\text{Rendement}_{\text{précipitation}} = \frac{Atot_{\text{après purification}}}{Atot_{\text{avant purification}}} \times 100 = \frac{6000}{10000} \times 100 = 60\%$

$\text{Rendement}_{\text{chromatographie d'affinité}} = \frac{Atot_{\text{après purification}}}{Atot_{\text{avant purification}}} \times 100 = \frac{4000}{6000} \times 100 = 66,6\%$

Donc le rendement de purification de la chromatographie d'affinité est supérieur à celui de la précipitation.

E. **VRAI**, Rendement_{final} = $\frac{Atot\ après\ purification}{Atot\ avant\ purification} \times 100 = \frac{4000}{10000} \times 100 = 40\%$. En effet, pour obtenir le rendement final, on prend l'activité totale après toutes les étapes de purification et l'activité totale initiale.

QCM 16 : CDE

A. **FAUX**, la purification permet d'obtenir une solution d'enzyme purifiée. Cependant au cours des étapes successives de purification, on perd en quantité d'enzyme, mais on augmente l'activité spécifique.

B. **FAUX**, $W = \frac{activité\ totale}{masse\ totale\ de\ protéines} = \frac{2500}{500} = 5\text{ UI/mg}$

C. **VRAI**, on doit d'abord calculer l'activité spécifique X de l'étape 2.

$$X = \frac{activité\ totale}{masse\ totale\ de\ protéines} = \frac{2000}{100} = 20\text{ UI/mg}$$

$$Y = \frac{AS\ après\ purification}{AS\ avant\ purification} = \frac{20}{5} = 4$$

D. **VRAI**, $Z = \frac{activité\ totale}{masse\ totale\ de\ protéines}$ donc activité totale = AS x masse protéines totales
 $= 300 \times 6$
 $= 1800\text{ UI}$

E. **VRAI**, vous pouvez vérifier ce résultat en effectuant le calcul :

$$\text{Rendement total} = \frac{Activité\ totale\ après\ purification}{Activité\ de\ départ} = \frac{1800}{2500} = 0,72 = 72\%$$

On réalise bien le calcul avec l'activité totale après purification et avec l'activité de départ donc il s'agit bien du rendement total de la réaction.

QCM 17 : AD

B. **FAUX**, l'apoenzyme est la partie protéique de l'enzyme qui permet la fixation du substrat et qui assure donc la spécificité de la réaction. La partie non protéique est le coenzyme.

C. **FAUX**, si la liaison entre l'apoenzyme et le coenzyme est covalente, ce dernier est un groupement prosthétique. Sinon, il est cosubstrat.

E. **FAUX**, la spécificité d'action d'une enzyme est permise par la conformation 3D et des propriétés chimiques de son substrat. De plus, l'enzyme ne catalyse qu'un type de réaction.

QCM 18 : DE

A. **FAUX**, un inhibiteur compétitif ne change pas la vitesse maximale (Vmax), cependant il diminue l'affinité (et donc augmente Km).

B. **FAUX**, un inhibiteur non compétitif ne se fixe pas sur le site actif mais sur un autre site présent sur l'enzyme.

C. **FAUX**, l'inhibition compétitive est bien réversible (en ajoutant du substrat en excès par exemple) mais l'inhibition non compétitive est parfois irréversible.

E. **VRAI**, c'est souvent le cas dans de nombreuses réactions cataboliques (#GlycolyselsComing) où le produit final inhibera ces réactions.

QCM 19 : BE

A. **FAUX**, l'ajout d'un inhibiteur compétitif ne modifie pas le Vmax d'une enzyme.

Cependant le K_m va augmenter! En effet, plus on ajoute d'inhibiteurs compétitifs, plus

l'affinité enzyme/substrat diminue. Or le K_m est inversement proportionnel à l'affinité enzyme/substrat. Si l'affinité diminue, le K_m augmente.

B. **VRAI**, si nous nous intéressons à ces 2 courbes nous remarquons que :

$$\begin{aligned} -1/K_{m1} &= -1/K_{m2} \\ 1/V_{max1} &< 1/V_{max2} \end{aligned}$$

Ainsi, l'ajout de l'inhibiteur a entraîné une diminution du V_{max} sans modifier l'affinité entre l'enzyme et son substrat. Il s'agit donc d'un inhibiteur de type **non compétitif** qui ne se fixe pas sur le site de fixation du substrat mais sur un site différent. Cette fixation entraîne par la suite une déformation du site de fixation du substrat sur l'enzyme diminuant par conséquent l'efficacité de la liaison enzyme/substrat.

C. **FAUX**, un inhibiteur compétitif ne modifie pas le K_m , mais modifie la V_{max} .

D. **FAUX**, si nous regardons les paramètres modifiés entre la courbe 1 et la courbe 3 :

$$\begin{aligned} 1/V_{max3} &= 1/V_{max1} \\ -1/K_{m1} &< -1/K_{m3} \end{aligned}$$

Nous pouvons en déduire que suite à notre ajout, la V_{max} de notre enzyme n'est pas modifiée, mais que le K_m est diminué (en effet $K_{m1} > K_{m3}$). Cet effet nous est donné par l'ajout d'un **inhibiteur de type compétitif**.

E. **VRAI**, il est à noter que chaque enzyme possède sa propre température, son propre pH lui permettant de fonctionner de manière optimale. Une température de 37°C ou un pH = 7 ne signifient pas forcément que l'enzyme va avoir une activité maximale.

QCM 20 : BCD (un bébé dans un micro-onde)

A. **FAUX**, la vitamine B2 correspond au **thiamine diphosphate**.

B. **VRAI**, cette molécule correspond au **phosphate de pyridoxal** qui correspond à la vitamine B6.

E. **FAUX**, c'est la **vitamine B12** qui participe au transfert de groupement carboxyle.

QCM 21 : BC

A. **FAUX**, l'acide folique permet le transfert de groupements monocarbonés.

D. **FAUX**, le thiamine diphosphate (TDP) permet le transfert de groupements acyls.

E. **FAUX**, la vitamine B12 permet le transfert de groupements entre deux atomes de carbones voisins.

QCM 22 : BE (<https://www.youtube.com/watch?v=1rUHyMli3Lg>)

E. **VRAI**, la vitamine C est l'autre nom de l'acide ascorbique !

QCM 23 : BD

A. **FAUX**, au contraire la combinaison de l'hémoglobine à l' O_2 est facilement dissociable, permettant la libération de l'oxygène dans les tissus.

B. **VRAI**, l'hémoglobine est un polymère de 64500 Da contrairement à la myoglobine qui est un monomère de 16750 Da.

C. **FAUX**, la protéine chaperonne ASHP se lie aux chaînes α produites en excès afin d'éviter leur précipitation sous forme monomérique.

E. **FAUX**, au contraire l'hémoglobine permet le retour du CO_2 et des protons vers les poumons.

QCM 24 : CE

- A. **FAUX**, l'hémoglobine est bien constituée de 4 chaînes : il s'agit donc d'un tétramère. Mais les 4 chaînes sont différentes puisque cette protéine est formée de 2 chaînes de globine β et de 2 chaînes de globine α : il s'agit donc d'un hétérotétramère. Cela aurait été un homotétramère si les 4 chaînes de globine avaient été identiques.
- B. **FAUX**, l'hème est une porphyrine c'est à dire un noyau contenant 4 cycles pyrroles centrés sur un ion Fe^{2+} . C'est bien l'hème qui donne sa couleur rouge à l'hémoglobine mais ce n'est pas une protéine. C'est l'hémoglobine qui est une chromoprotéine et non la molécule d'hème.
- C. **VRAI**, les chaînes de globines sont les parties protéiques (= apoprotéines) de l'hémoglobine tandis que les molécules d'hème sont non protéiques (= groupements prosthétiques). L'hémoglobine est donc une hétéroprotéine.
- D. **FAUX**, l'ion Fe^{2+} forme bien 6 liaisons dans l'oxyhémoglobine mais il est l'état ferreux (charge +2) et non à l'état ferrique (charge 3+). L'ion se lie par 4 liaisons de coordination à 4 atomes d'azote dans l'hème (voir item E) puis de part et d'autre du plan de l'hème avec un azote de l'histidine F8 de la chaîne de globine et avec l'oxygène de manière réversible. Ceci fait donc bien 6 liaisons de coordination au total.
- E. **VRAI**, l'ion Fe^{2+} forme 4 liaisons de coordination en acceptant 4 doublets non-liants des 4 atomes d'azote des 4 cycles pyrroles de l'hème.

QCM 25 : CDE

- A. **FAUX**, pour les gènes de la famille β il y'a 2 commutations successives : une dans la vie embryonnaire (passage de ϵ à γ), et une autre à la naissance (de γ à β).
- $$\epsilon \rightarrow \gamma \rightarrow \beta$$
- B. **FAUX**, chez l'adulte, $\alpha_2\beta_2$ est la forme majoritaire dite hémoglobine A alors que $\alpha_2\delta_2$ est la forme minoritaire dite hémoglobine A2.
- E. **VRAI**, il y'a donc une seule commutation pour les gènes de la famille α .

QCM 26 : ADE

- B. **FAUX**, une baisse de pH ainsi qu'une augmentation de CO_2 va faciliter la libération de l' O_2 et donc déplacer la courbe de dissociation vers la droite.
- C. **FAUX**, le 2,3-biphosphoglycérate est un produit de la glycolyse.

QCM 27 : CE

- A. **FAUX**, l'anémie falciforme est une anomalie qualitative de l'hémoglobine.
- B. **FAUX**, l'anémie falciforme est due à une substitution d'un Glutamate en une Valine dans la chaîne β induisant la formation d'une hémoglobine S.
L'HbH est retrouvé dans les α thalassémies (défaut de synthèse de chaîne α , formation de tétramère de chaînes $\beta = \text{HbH}$).
- C. **VRAI**, le glutamate, étant un AA acide, possède deux fonctions acides carboxyliques et une fonction amine. Pour un pH au delà du pKa de sa fonction amine, le glutamate porte deux charges négatives.. L'HbS ayant une valine à la place du glutamate porte une charge négative en moins par rapport à l'HbA. Sur une électrophorèse, l'HbS migrera donc moins loin qu'une HbA vers le pôle positif.
- D. **FAUX**, un patient homozygote aura un allèle sain qui compensera l'allèle porteur du trait thalassémique. Le patient ne présentera pas une anémie de Cooley mais son taux

d'HbA2 augmentera et il présentera une polyglobulie et une microcytose (diminution de la taille des globules rouges).

QCM 28 : BDE

- A. **FAUX**, ce sont les protéoglycanes qui ont un taux de glucides de 95%. Les glycoprotéines ont un taux de glucides variable allant de 1 à 40%.
- C. **FAUX**, les N-glycoprotéines sont formées par la liaison hydroxyle d'un N-acétylglucosamine et la fonction amide d'une asparagine. Ce sont les O-glycoprotéines qui sont formées par la liaison entre la fonction hydroxyle d'un N-acétylgalactosamine et la fonction alcool d'un résidu sérine ou thréonine.
- D. **VRAI**, le défaut de production d'ancre GPI provoque des pathologies comme l'hémoglobinurie paroxystique nocturne. Ce défaut d'ancre GPI entraîne un déficit en protéine qui protège normalement le globule rouge contre l'attaque du complément. Le globule rouge n'étant plus protégé, il sera lysé et va ainsi libérer son hémoglobine dans le plasma et les urines.
- E. **VRAI**, prenons l'exemple de l'érythropoïétine. La forme recombinante (exogène) n'a pas les mêmes glycosylations que la forme endogène. On peut ainsi différencier l'EPO synthétisée par notre organisme et l'EPO qui proviendrait éventuellement d'un apport exogène, et cela a une utilité pour lutter contre le dopage par exemple.

QCM 29 : ACD

- A. **VRAI**, en effet une oxydation est par définition un gain d'oxygène et/ou une perte d'hydrogène. Lors d'une oxydation de type ménagée/douce, seule la fonction hydroxyle portée par le carbone 1 va s'oxyder, formant ainsi un acide **-onique**. C'est bien ce que l'on obtient à la suite de la réaction d'oxydation 1.
Remarque : il est normal ici d'observer une fonction cétone au niveau du carbone 1 de par le processus de cyclisation.
- B. **FAUX**, la réaction 2 a abouti à une oxydation en C6 **uniquement**. Il s'agit alors de la formation d'un **acide -uronique**, dans notre cas à l'obtention de **l'acide glucuronique** et non pas glucarique (oxydations en C6 et C1).
- C. **VRAI**, en effet nous observerons au cours de cette oxydation, une réduction du coenzyme FAD en FADH₂. Cette dernière va être couplée à la formation d'H₂O₂ à partir d'O₂. Une des propriétés du peroxyde d'hydrogène est de transformer les substrats incolores en substrats colorés. Cette propriété est particulièrement intéressante dans le dosage du glucose chez les personnes diabétiques.
- D. **VRAI**, en effet la première fonction à s'oxyder est celle portée par le carbone 1. Par la suite, si nous poursuivons notre oxydation, c'est la fonction portée par le carbone 6 qui s'oxyde. Or, dans notre cas, seule la fonction portée par le carbone 6 est oxydée. Cela est permis par une protection par méthylation de la fonction portée par le carbone 1.
- E. **FAUX**, ce sont les réductions du fructose et du glucose qui peuvent aboutir toutes les deux à du D-sorbitol. La réduction du mannose permet la formation du D-mannitol.

QCM 30 : ADE (Une madeleine)

- A. **VRAI**, il s'agit du lactose (β -D galactopyranosyl (1→4) D-glucopyranose). Son carbone anomérique est libre sur le glucose, c'est donc un sucre réducteur.

B. **FAUX**, cf item A : il s'agit du β -D galactopyranosyl (1 \rightarrow 4) D-glucopyranose: c'est donc un composé osyl-ose.

Rappel : les composés osyl-osides sont des composés non réducteurs.

C. **FAUX**, la β (1 \rightarrow 4) glucosidase permet l'hydroxylation du cellobiose (β -D galactopyranosyl (1 \rightarrow 4) D-glucopyranose).

E. **VRAI**, la perméthylation suivie d'une hydrolyse acide permet de déterminer la position des liaisons mises en jeu dans les polysaccharides.

1ère étape : perméthylation : tous les OH libres se méthylent et deviennent -O-CH₃.

2ème étape : hydrolyse acide : cette étape casse la liaison osidique : les carbones portant un OH sans CH₃ étaient impliqués dans la liaison, sauf le OH du carbone anomérique libre qui perd également son CH₃ au moment de l'hydrolyse.

Le lactose, après perméthylation et hydrolyse acide, donne du 2,3,4,6 tétraméthyl Galactosyl et du 2,3,6 triméthyl Glucose.

QCM 31 : BC

A. **FAUX**, l'amidon constitue la principale réserve énergétique du monde végétal.

D. **FAUX**, au contraire la cellulose ne peut pas être digérée par l'Homme car elle est formée de D-glucoses unies entre elles par des liaisons de type β 1 \rightarrow 4. Or l'être humain ne possède pas de **β -glucosidases**, seulement des α -D glucosidases qui ne permettent pas la coupure de la cellulose.

E. **FAUX**, l'acide hyaluronique est un glycosaminoglycane formé de N-acétyl glucosamine liés en β 1 \rightarrow 4 aux acides glucuroniques.