



PACES

Correction

UE1B – Colle n°1

18 Janvier 20201

Fait par la séance du jeudi

QCM 1 : ABC

QCM 2 : ABCDE

QCM 3 : D

QCM 4 : ABCD

QCM 5 : BD

QCM 6 : AC

QCM 7 : A

QCM 8 : BCDE

QCM 9 : AD

QCM 10 : BCD

QCM 11 : AD

QCM 12 : A

QCM 13 : C

QCM 14 : AB

QCM 15 : ABE

QCM 16 : ACD

QCM 17 : D

QCM 18 : CD

QCM 19 : CE

QCM 20 : BCDE

QCM 21 : CD

QCM 22 : ABD

QCM 23 : B

QCM 24 : CDE

QCM 25 : BCDE

QCM 26 : AD

QCM 27 : ABE

QCM 28 : ABCDE

QCM 29 : ADE

QCM 30 : ABCE

QCM 31 : ACDE

QCM 32 : CDE

QCM 33 : BE

QCM 34 : BCD

QCM 35 : BDE

QCM 36 : AC

QCM 1 : ABC

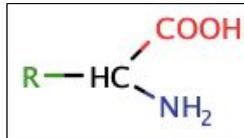
- A. **VRAI**, l'eau est le composé **majoritaire** du corps humain.
- B. **VRAI**, la molécule d'eau est polaire lui permettant de réaliser ces liaisons hydrogènes.
- C. **VRAI**, par exemple, dans le **site actif** d'une enzyme l'eau est exclue.
- D. **FAUX**, les acides nucléiques sont des **macromolécules**. Les petites molécules correspondantes sont les nucléotides.
- E. **FAUX**, les oligoéléments (Mg^{2+} , Zn^{2+} , Fe^{2+}/Fe^{3+} , Cu^{2+}) sont présents en **faible quantité** dans le sang.

QCM 2 : ABCDE

- A. **VRAI**, c'est la définition des molécules informatives. On peut distinguer trois catégories dans ces substances chimiques :
- les **médiateurs à action locale**
 - les **neuromédiateurs**
 - les **substances sécrétées**
- B. **VRAI**, les médiateurs à action locale agissent rapidement sur des cellules proches de celles qui les sécrètent.
- D. **VRAI**, le GABA est un neuromédiateur de type **aminoacide** comme la glycine, le glutamate et l'aspartate. Ils ont un mode d'action **juxtacrine**.

QCM 3 : D

- A. **FAUX**, les acides aminés sont les unités structurales de bases des peptides et des protéines. Ils comportent 2 fonctions : une **carboxylique (-COOH)** l'autre **amine (-NH₂)** reliées à un carbone, le carbone **alpha**. Ici il s'agissait d'une fonction cétone à la place de la fonction carboxylique. Les acides aminés la structure ci-contre :



- B. **FAUX**, les acides aminés protéinogènes, par définition, constituent les protéines, ils ne sont donc pas libres dans la cellule. De plus, on en dénombre seulement **20**.
- C. **FAUX**, les acides aminés **protéinogènes** sont des isomères de la série **L**. En référence à la configuration du L-Glycéraldéhyde. Les acides aminés libres dans la circulation peuvent être de la série D ou de la série L.
- D. **VRAI**, on peut retrouver ces acides aminés intermédiaires au niveau du cycle de Krebs par exemple.
- E. **FAUX**, l'**homocystéine**, un acide aminé **non protéinogène**, est l'homologue **supérieur** de la **cystéine**. Homologue voulant dire qu'ils ont une structure similaire, mais pas identique, à un autre composé. Les homologues inférieurs et supérieurs se distinguent respectivement par la perte ou l'ajout de carbones à la chaîne carbonée.

Pour rappel :

Voici un tableau avec les acides aminés protéinogènes associés à leurs acides aminés homologues vus en cours :

acide aminé protéinogène	homologue	
cystéine	supérieur (1C en +) :	homocystéine
lysine	inférieur (1C en -) :	ornithine
α -alanine	beta :	β -alanine

QCM 4 : ABCD

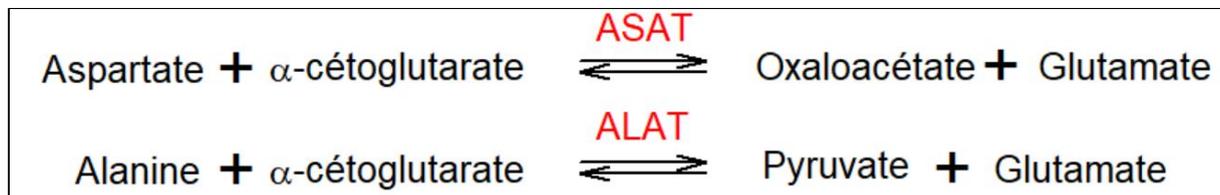
- B. **VRAI**, en effet la N-méthyllysine joue un rôle dans la compaction des histones, les rendant moins accessibles aux facteurs de transcription.
- D. **VRAI**, c'est la méthionine Met qui est donneuse de radical méthyle.
- E. **FAUX**, le **GABA** est effectivement produit à partir de glutamate / d'acide glutamique, présent dans le peptide X, cependant il n'est pas obtenu par carboxylation mais par **décarboxylation**.
Le dérivé produit par **carboxylation** d'un glutamate est le **γ-carboxy-Glu**.

QCM 5 : BD

- A. **FAUX**, tous les acides aminés absorbent dans les UV à des longueurs d'ondes autour de **230 nm**. Lorsqu'on observe des pics d'absorption à 260 ou 280 nm, c'est qu'on est en présence d'acides aminés aromatiques.

Acide aminé	Pic d'absorption associé
Phénylalanine	230 nm + 260 nm
Tryptophane et Tyrosine	230 nm + 280 nm

- B. **VRAI**, c'est également le cas des transaminases.
- C. **FAUX**, c'est l'action de l'histamine (médiateur de l'allergie) sur les récepteurs H2 qui provoque cet effet. Les récepteurs H1 ont un effet **inflammatoire** :
- Une **vasodilatation** des vaisseaux (pour faciliter le transport des cellules de défense)
 - Une **bronchoconstriction**
- E. **FAUX**, l'ASAT n'agit pas sur l'alanine mais sur l'aspartate. L'alanine donnera par l'action de l'**ALAT** du **pyruvate** et du glutamate.



QCM 6 : AC

- A. **VRAI**, cet acide aminé est un acide aminé **aromatique** : le **tryptophane**.
- B. **FAUX**, le tryptophane et la tyrosine absorbent à 280nm. C'est la phénylalanine qui absorbe à 260nm.
- C. **VRAI**, le tryptophane possède un noyau indol (ou bien indolalanine) qui est la fusion de deux noyaux, un pyrrole et un benzène.
Moyen mémo : le tryptophane je suis fan donc noyau indole (idole).
- D. **FAUX**, ce n'est pas le tryptophane mais la **proline** qui est très abondante dans le collagène. Elle permet le maintien de la conformation rigide et entraîne une flexibilité structurale réduite, elle est donc présente dans les **coudes** des chaînes polypeptidiques.
- E. **FAUX**, le tryptophane est un acide aminé **apolaire**.

QCM 7 : A

- A. **VRAI**, il s'agit de l'**histidine**, un acide aminé **basique**. L'une de ses propriétés est de pouvoir être protonée.
- B. **FAUX**, **tous** les acides aminés basiques possèdent 6 carbones.
- C. **FAUX**, l'histidine possède un noyau **imidazole**.
- D. **FAUX**, c'est l'**arginine**, un autre acide aminé basique, qui libère de l'urée et de l'ornithine. L'histidine est, quant à elle, à l'origine de l'histamine.
- E. **FAUX**, un acide aminé est dit essentiel (ou indispensable) s'il ne peut pas être synthétisé par l'Homme.
Mnémo: Le Très Lyrique Tristan Fait Vachement Méditer Iseult : Leucine, Thréonine, Lysine, Tryptophane, Phénylalanine, Valine, Méthionine, Isoleucine.

E. **FAUX**, la conformation d'une protéine est déterminée par sa **séquence**, la perte de conformation va se traduire par la **perte** de son **activité biologique**. Cette dénaturation peut être **réversible** ou **non**.

Ex : dénaturation par la chaleur :

- Si on chauffe **doucement** la protéine, la dénaturation sera **réversible** (jusqu'à une certaine température)
- Si on chauffe la protéine brutalement et **fortement**, la dénaturation sera **irréversible**.

QCM 15 : ABE

- A. **VRAI**, il est possible de dénaturer une protéine par rupture des liaisons permettant à l'édifice de maintenir la structure 3D. Cette dénaturation peut être **réversible**. Par exemple lors d'une dénaturation en chauffant doucement, les liaisons disulfures se rompent, si on refroidit ensuite la protéine, les ponts disulfures vont se reformer (= dénaturation réversible. Attention si on chauffe trop la protéine, la dénaturation est irréversible.
- B. **VRAI**, la dénaturation irréversible peut se faire grâce à des agents chimiques, des radiations UV, des variations brutales de pH ou bien à forte température.
- C. **FAUX**, les protéines chaperonnes permettent également le repliement et le dépliage correct des protéines. Elles permettent ainsi le passage des membranes cellulaires.
- D. **FAUX**, les protéines chaperonnes vont se fixer sur les zones **hydrophobes** des protéines en cours de repliement afin d'éviter des interactions avec d'autres molécules, conduisant *in fine* à une agrégation.
- E. **VRAI**, le prion pathologique a la propriété de **protéine auto-chaperonne** et donc va être capable de convertir les autres protéines du prion normales en protéines pathologiques. De proche en proche, on va observer une destruction progressive et irréversible du système nerveux central.

QCM 16 : ACD

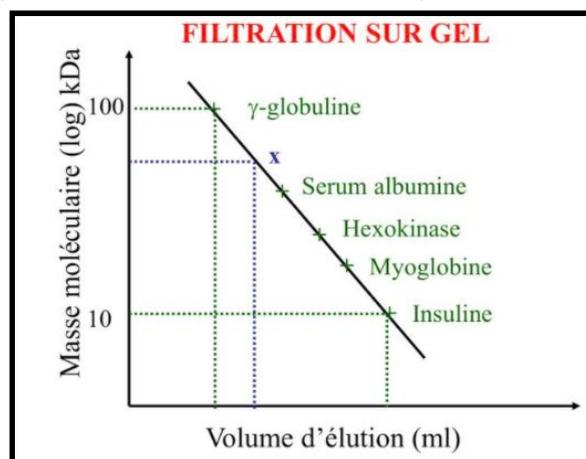
- A. **VRAI**, le SDS permet de charger négativement les protéines de façon uniforme de manière à ce que la migration se fasse seulement en fonction de la taille.
- B. **FAUX**, la mobilité électrophorétique est **inversement proportionnelle** au logarithme de la masse moléculaire. En effet, les petites molécules vont migrer le plus loin et rapidement, tandis que les grosses molécules migrent très peu.
- D. **VRAI**, les macromolécules vont être éluées en premier alors que les plus petites seront éluées en dernier.
- E. **FAUX**, en présence d'une résine échangeuse d'anion, les grains de cellulose sont chargés **positivement** afin de retenir les molécules chargées négativement (anions). Alors qu'en présence d'une résine échangeuse de cation, les grains de cellulose sont chargés négativement pour retenir les molécules chargées positivement (cations).

QCM 17 : D

- A. **FAUX**, une chromatographie de filtration sur gel **avec du SDS** permet la **détermination de la taille des sous-unités** d'une protéine.

Rappel : le SDS supprime les liaisons non-covalentes de la protéine, ainsi elle permet la dénaturation de sa conformation initiale. Donc, c'est sans SDS que l'on peut déterminer la forme native de la protéine.

- B. **FAUX**, le volume d'éluion est fonction linéaire inverse d'éluion du **logarithme** de la masse moléculaire. Plus le volume d'éluion est grand, plus la masse moléculaire de la protéine est faible.



- C. **FAUX**, attention, on utilise du SDS donc **on étudie les sous-unités** de la protéine P et pas sa forme native. La chromatographie de filtration sur gel agit comme un **tapis moléculaire inverse**, ainsi **la protéine la plus grosse sort la première**. Donc l'ordre de sortie est la sous-unité E (60 kDa), puis la protéine M (50 kDa) et pour finir la sous-unité B (15 kDa).
- D. **VRAI**, ici, on s'intéresse aux sous-unités de la protéine P, donc la sous-unité E (60 kDa) sort avant la sous-unité B (15 kDa).
- E. **FAUX**, en **absence de SDS**, on s'intéresse aux **formes natives** des protéines et non aux sous-unités. Ainsi, comme la protéine P (75 kDa) possède le plus haut poids moléculaire, elle sort avant la protéine M (50 kDa).

QCM 18 : CD

Voici le tableau entier avec toutes les valeurs :

	Protéines totales (mg)	Activité totale (UI)	Activité spécifique (UI/mg)	indice de purification des protéines	Rendement de purification (%)
Extraction du cytosol	20 000	200 000	10	1	100
Précipitation	4 000	180 000	45	4,5	90
Chromatographie d'échange ionique	250	100 000	400	+/- 9	55,5
Chromatographie d'affinité	2	60 000	30 000	75	60
Purification Totale	/	/	/	3 000	30

- A. **FAUX**, ici **l'activité spécifique** est bien de 45, mais attentions aux unités ! L'activité spécifique se mesure en **UI/mg**.

$$\text{Pour le calcul : activité spécifique} = \frac{\text{activité totale}}{\text{masse de protéines totales}}$$

Ici on fait : $180\,000 / 4\,000 = 45 \text{ UI/mg}$.

- B. **FAUX**, le **rendement de purification** se calcule en faisant :

$$\text{Rendement de purification} = \frac{\text{activité totale APRES purification}}{\text{activité totale AVANT purification}} \times 100$$

Ici on fait donc $100\,000 / 180\,000 = 10/18 = 5/9 = 55,5\%$ (grâce à l'aide au calcul).

- C. **VRAI**, pour calculer le **rendement de purification final** il faut faire

$$= \frac{\text{activité totale après la dernière étape}}{\text{activité totale avant toute purification}}$$

$$= 60\,000 / 200\,000$$

$$= 0,3 = 30\%$$

- D. **VRAI**, **l'indice de purification total** se calcule en faisant :

$$= \frac{\text{activité spécifique finale}}{\text{activité spécifique avant toute purification}}$$

$$= 30\,000 / 10 = 3\,000$$

- E. **FAUX**, l'évaluation du **critère biologique** se fait par le **dosage de l'activité enzymatique ou hormonale**. Alors que le **Western Blot** est utilisé pour évaluer le **critère immunologique** de la protéine.

QCM 19 : CE

- A. **FAUX**, seules les protéines possédant des **résidus polaires** sont solubles. Plus les résidus polaires sont nombreux, plus la solubilité de la protéine est importante.

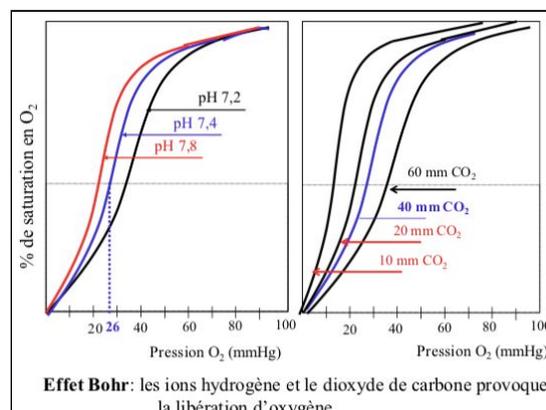
- B. **FAUX**, c'est l'inverse, les protéines **globulaires** sont plus solubles que les protéines fibrillaires. En effet, les protéines fibrillaires s'associent entre elles en chassant l'eau ce qui a pour conséquence de faire diminuer la solubilité.
- C. **VRAI**, lorsque $\text{pH} = \text{pHi}$, la protéine n'est pas chargée. Or, la solubilité est maximale quand la protéine est chargée.
- D. **FAUX**, dans un premier temps, lorsque l'on **augmente la concentration** en sels, la solubilité de la protéine va être **augmentée**, ceci est dû à la fixation des ions sur la protéine qui augmente sa charge et donc sa solubilité.
- Dans un second temps, avec de **plus fortes concentrations** en sels, la solubilité de la protéine va **diminuer** car il va y avoir une compétition entre les ions et les protéines pour se lier à l'eau.
- E. **VRAI**, c'est le cas de la sérine par exemple.

QCM 20 : BCDE

- A. **FAUX**, l'hémoglobine est un **hétérotétramère**. Elle est composée de 4 chaînes polypeptidiques : 2 chaînes β et de 2 chaînes α (pour l'hémoglobine A adulte). Chaque chaîne comporte une molécule d'hème.
- B. **VRAI**, l'hémoglobine possède une fraction protéique : les chaînes de globine, et une fraction prosthétique : l'hème.
- C. **VRAI**, l'hème est une **porphyrine** ; une structure composée de 4 cycles pyrroles (noyau tétrapyrrolique) centré sur un atome de fer à l'état **ferreux (Fe^{2+})**.
- Rappel : c'est l'hème qui donne sa couleur rouge au sang.
- D. **VRAI**, l'hémoglobine est composée de 4 chaînes de globine (= chaînes polypeptidiques). Chacune des chaînes possède une molécule d'hème. L'hémoglobine est donc bien composée de 4 chaînes de globine et de 4 hèmes.

QCM 21 : CD

- A. **FAUX**, l'effet Bohr correspond à la libération d'oxygène dans les tissus métaboliquement actifs. En effet, ces tissus libèrent du CO_2 et des protons du fait de leur activité métabolique importante. Ces tissus sont donc en manque d'oxygène. On va donc avoir une **augmentation** de la pCO_2 ou de la $[\text{H}^+]$ (= diminution du pH) et donc un déplacement de la courbe de dissociation de l' O_2 vers la droite libérant ainsi l' O_2 dans le muscle.
- B. **FAUX**, on se trouve ici chez un adulte (34 ans), l'hémoglobine la plus présente chez cette personne est l'HbA qui possède une P_{50} de 26 mmHg. La référence est donc la **courbe B**. L'effet Bohr se traduit par un décalage vers la droite de la courbe de dissociation si le pH baisse et/ou si la pCO_2 augmente, **courbe A**. En effet, pour libérer de l'oxygène dans les tissus il faut que l'affinité entre Hb et oxygène diminue. Donc lorsque la concentration en protons $[\text{H}^+]$ augmente ou lorsque la pCO_2 augmente la courbe sera déplacée vers la droite. Donc la courbe A représente une situation où le **pH est diminué** et la **pCO_2 est augmentée**.

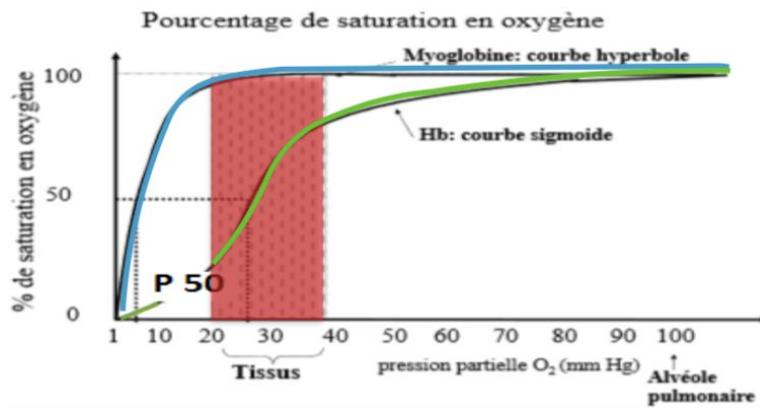


- C. **VRAI**, Cf. item B.
- D. **VRAI**, l'HbF possède une P_{50} plus faible que celle de l'HbA (environ 20 mmHg). L'affinité de l'HbF pour l' O_2 est donc meilleure, sa courbe de dissociation est déplacée vers la gauche. C'est cette meilleure affinité qui va permettre de transférer l' O_2 de l'HbA de la mère à l'HbF du fœtus.

E. **FAUX**, le CO est un gaz qui possède une affinité pour l'hémoglobine 200 fois supérieure à celle du dioxygène. Il va stabiliser la forme relâchée de l'hémoglobine, l'O₂ est fixé sur l'Hb mais ne sera plus libéré aux tissus. *Pour pallier cela, il faut placer les patients dans des caissons hyperbares avec des pressions en oxygène supérieures à la pression atmosphérique.*

QCM 22 : ABD

- B. **VRAI**, au niveau du tissu musculaire, myoglobine sert de réserve d'oxygène au muscle qui n'est pas utilisé au repos mais durant un effort quand l'oxygène se fait plus rare.
- C. **FAUX**, la P₅₀ exprime le pourcentage de saturation en oxygène en fonction de la pression partielle en oxygène. Elle varie en sens inverse de l'affinité donc la myoglobine qui a une forte affinité pour l'oxygène aura une faible P₅₀. De plus l'hémoglobine a une faible affinité pour l'oxygène donc une forte P₅₀. Ainsi **P₅₀ myoglobine < P₅₀ hémoglobine**.
- D. **VRAI**, Cf. item C.
- E. **FAUX**, c'est la courbe de saturation en oxygène de l'hémoglobine qui est une sigmoïde car aux faibles pressions en oxygène, la fixation se fait difficilement du fait de la présence du 2,3-BPG, qui à fortes pressions se retire, facilitant ainsi la fixation d'autres molécules d'O₂. La courbe de saturation en oxygène de la myoglobine est quant à elle une courbe **hyperbolique** car la fixation de l'oxygène sur la myoglobine se fait sans modulation allostérique.



QCM 23 : B

- A. **FAUX**, la drépanocytose fait partie des anomalies **qualitatives** de l'hémoglobine. Dans la drépanocytose, la synthèse des chaînes de globines β se fait anormalement. En effet, l'origine de cette pathologie correspond à une substitution d'une Glu par une Val en position 6 des chaînes β . Cette mutation provoque l'apparition d'hématies falciformes qui conduit à une anémie fragilisant les petits capillaires.
- C. **FAUX**, les β -thalassémies se traduisent par un **défaut** de production des chaînes de globine β . C'est une anomalie quantitative des chaînes de globines.
- D. **FAUX**, dans les α -thalassémies, l'Hémoglobinose H est compatible avec la vie. En effet l'Hémoglobinose H apparaît lorsque trois gènes α sont non-exprimés sur quatre. Cette pathologie compte des signes cliniques importants mais n'est pas pour autant mortelle.
- E. **FAUX**, attention, c'est l'inverse ! La méthémoglobine correspond à l'oxydation du fer ferreux Fe²⁺ en fer ferrique Fe³⁺.

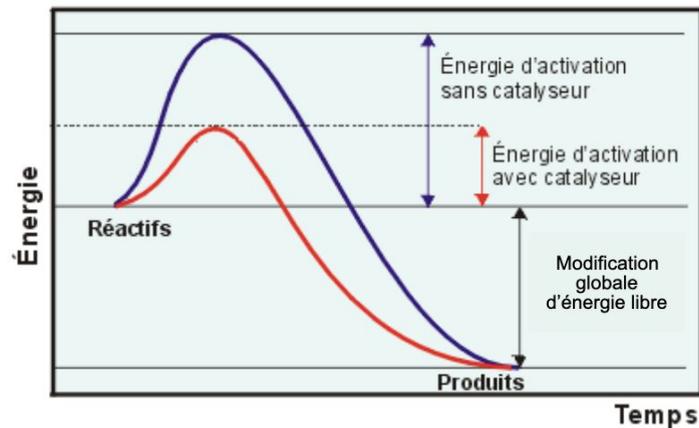
NB : ça devient féérique 🌸👉 !

QCM 24 : CDE

- A. **FAUX**, le site catalytique ne permet que la **catalyse** du substrat. Il est situé sur le **site actif** de l'enzyme qui regroupe le **site de liaison** (fixation du substrat) et le **site catalytique** (sa catalyse).
- B. **FAUX**, c'est le modèle de l'**ajustement induit** de Koshland qui explique cela. Au contraire, le modèle clé serrure stipule que le site actif est rigide et non modifiable. Ce modèle est aujourd'hui désuet.

Tips mémorisation : quand une clé tourne dans une serrure, elle ne modifie pas la structure de la serrure, elle est juste adaptée.

- C. **VRAI**, la fonction d'un catalyseur est d'augmenter la vitesse de réaction sans modifier les concentrations à l'équilibre. Normalement au cours de la réaction enzymatique, il y a un passage par un état de transition qui constitue une **barrière énergétique d'activation**. Le catalyseur va baisser cette l'énergie libre d'activation par le biais d'interactions faibles avec le substrat, ce qui va augmenter la vitesse de réaction sans changer les états initial et final.



QCM 25 : BCDE

- A. **FAUX**, les enzymes homogènes sont entièrement protéiques (contrairement aux co-enzymes). Ce sont les enzymes à co-enzyme qui ont des co-enzyme.
- B. **VRAI**, pour rappel, dans une enzyme à coenzyme :
- l'**apoenzyme** est la partie **protéique**
 - le **coenzyme** est la partie **non protéique**
 - lié de façon **covalente** à l'apoenzyme : **groupement prosthétique**
 - lié de façon **non covalente** à l'apoenzyme : type **co-substrat**
- D. **VRAI**, les enzymes de classe 3 sont les **hydrolases** qui rompent une liaison à l'aide d'une molécule d'eau.
Mnème : Oh ! Ton Hamster L'Isolé Lentement
 Oxydo-réductases - Transférases - Hydrolases - Lyases - Isomérases - Ligases
- E. **VRAI**, les lyases permettent en effet la formation d'une liaison grâce à une molécule d'eau.

QCM 26 : Petit point conjugaison, on parle bien du verbe "sAler" AD

- A. **VRAI**, on voit sur le graphique que la droite E+B coupe l'axe des ordonnées plus haut que la droite E sans effecteur : cela signifie que la **Vmax est diminuée**.
- NB** : L'axe des ordonnées correspond bien à $1/V$ donc si cette valeur est augmentée, cela veut dire que Vmax diminue.
- De plus, on voit que le **Km n'est pas modifié**, la droite coupe l'axe des abscisses au même endroit. On est donc bien en présence d'un **inhibiteur non compétitif**. Les inhibiteurs non compétitifs se fixent sur un site différent du site actif, il n'y a pas de compétition avec le substrat.
- B. **FAUX**, ici **Vmax n'est pas modifié** mais c'est **Km** qui est **augmenté**. On a donc affaire à un **inhibiteur compétitif** qui possède une analogie structurale avec le substrat. Il y a compétition entre l'inhibiteur et le substrat pour la fixation sur le site actif.
- C. **FAUX**, la vitesse maximale est déterminée par le croisement de la droite E+B avec l'axe des ordonnées. Ici on a donc $1/V_{max} = 3 \cdot 10^4 \text{ mol}^{-1} \cdot \text{min}$, $V_{max} = \frac{1}{3} \cdot 10^{-4} \text{ mol} \cdot \text{min}^{-1}$. Attention aux unités et aux puissances de 10 !
- D. **VRAI**, tout d'abord, on va déterminer les valeurs de Km et de Vmax.

$$\frac{1}{V_{max}} = 3 \cdot 10^4, V_{max} = \frac{1}{3} \cdot 10^{-4} \text{ mol} \cdot \text{min}^{-1}$$

$$-\frac{1}{K_m} = -\frac{1}{3} \cdot 10^4, K_m = 3 \cdot 10^{-4} \text{ mol}$$

Pour calculer V, on utilise l'équation de Michaelis-Menten: $V = \frac{V_{max} \cdot [S]}{[S] + K_m}$

$$V = \frac{(1/3) \cdot 10^{-4} \times 3 \cdot 10^{-4}}{3 \cdot 10^{-4} + 3 \cdot 10^{-4}} = \frac{1 \cdot 10^{-8}}{6 \cdot 10^{-4}} = \frac{1}{6} \cdot 10^{-4} = \frac{1}{6 \cdot 10^4} \text{ mol} \cdot \text{min}^{-1}$$

E. **FAUX**, si on reprend l'équation de Michaelis-Menten on voit facilement que si la valeur du K_m est divisée par 2, le dénominateur sera diminué, V sera donc **augmentée** et doublée.

QCM 27 : ABE

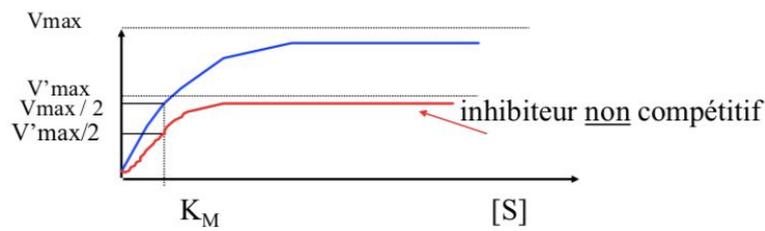
A. **VRAI**, en effet ce sont des **cations métalliques mono ou bivalents** : K^+ , Na^+ , Mg^{2+} (pour les kinases), Ca^{2+} . On a distingué deux classes :

- **les métallo enzymes** : où l'affinité est très élevée, on considère que le métal fait partie intégrante de l'enzyme.
- **les enzymes à métal-activateur** : le métal est beaucoup plus facilement dissociable, n'intervient qu'au moment de la catalyse, avec des étapes de fixation.

B. **VRAI**, à partir d'une température basse l'augmentation, la température double la vitesse de la réaction environ tous les $10^\circ C$ jusqu'à une température optimum à partir de laquelle l'enzyme sera dénaturée et sera moins active.

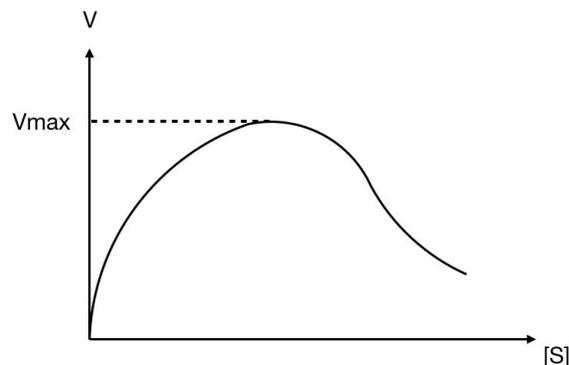
C. **FAUX**, la pénicilline agit comme **« un substrat suicide »**, elle se lie d'abord de façon réversible au site actif, puis crée une **liaison covalente irréversible** avec celle-ci, ce qui **bloque** l'activité enzymatique de façon **irréversible**.

D. **FAUX**, ici nous sommes en présence d'un **inhibiteur non compétitif**. Dans ce cas, l'inhibiteur se lie à l'enzyme non pas au niveau du site actif de fixation du substrat mais dans une **région différente**. Cette fixation va **déformer le site actif** et **diminuer l'activité enzymatique**. Si l'activité enzymatique est diminuée, sa **V_{max}** l'est aussi. Donc on a une courbe décalée vers le bas.



Rappel : un inhibiteur compétitif ferait augmenter le K_m sans modifier la V_{max} .

E. **FAUX**, en cas de gros excès de substrats, deux molécules de substrats peuvent se fixer en même temps sur l'enzyme pour former un complexe ESS (enzyme-substrat-substrat) qui bloque l'activité de l'enzyme. Ainsi à partir d'une certaine concentration en substrat, la courbe de la vitesse de réaction va commencer à s'infléchir. La courbe aurait l'allure suivante :



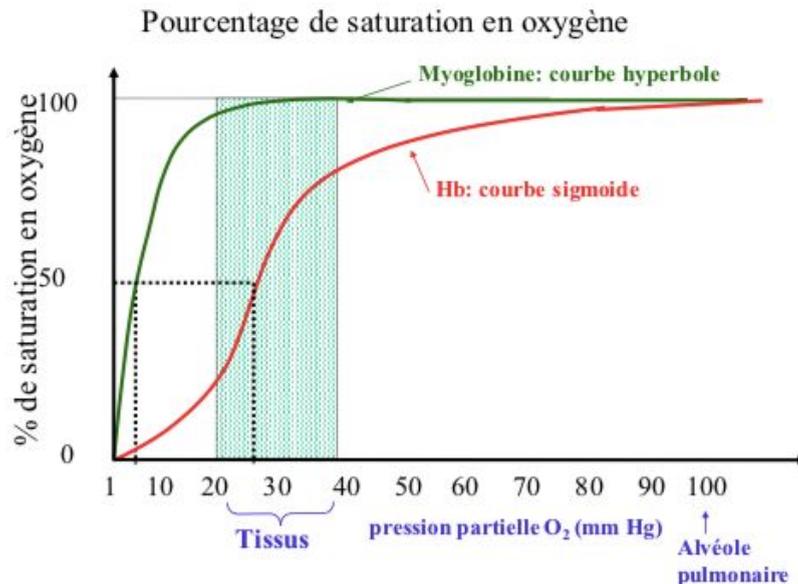
QCM 28 : ABCDE

A. **VRAI**, les enzymes allostériques possèdent au minimum 2 sous-unités. En effet, en se fixant sur une première sous-unité de la protéine, le substrat va permettre un **changement de conformation** de la **deuxième sous-unité** et ainsi permettre à une autre molécule de substrat de s'y fixer plus facilement. On parle alors d'**effet coopératif du substrat**.

B. **VRAI**, le modèle concerté de Monod est le modèle qui a permis de mettre en évidence le mode de fonctionnement allostérique de certaines enzymes. Cependant dans ce modèle la fixation d'une molécule de substrat entraîne un changement de conformation de toutes les autres sous-unités de l'enzyme en même temps (d'où le nom de concerté). On utilise donc aujourd'hui le modèle séquentiel de Koshland plus en

adéquation avec la réalité. D'après ce modèle la fixation d'une molécule de substrat entraîne un changement de conformation progressif (séquentiel) de chaque sous-unité.

- C. **VRAI**, pour vous expliquer le principe du modèle allostérique nous allons faire un parallèle avec l'hémoglobine et la myoglobine (attention ce ne sont pas des enzymes mais des protéines de transport, cependant le parallèle permet de bien imaginer la situation !). La **myoglobine**, ne comportant qu'une sous-unité, ne possède pas d'effet coopératif par allostérie. Dès la fixation d'une molécule de dioxygène, la saturation de la myoglobine est maximale (100%). Sa courbe est donc une hyperbole (cinétique michaelienne).
- **L'hémoglobine** possède 4 sous-unités, la fixation d'une molécule de dioxygène sur le premier monomère (SU) de l'hémoglobine va augmenter l'affinité de liaison de la deuxième, la fixation sur le deuxième monomère augmente l'affinité de la troisième et ainsi de suite. Cela se traduit par une sigmoïde.



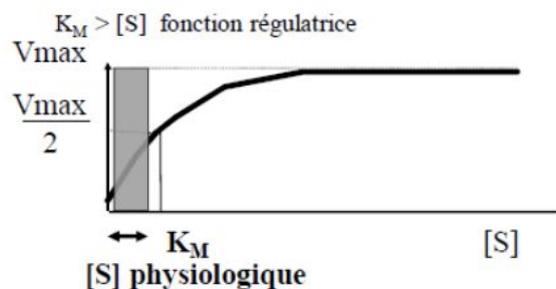
- D. **VRAI**, la forme relâchée de l'enzyme possède une plus forte affinité pour le substrat. Le substrat pourra se fixer à l'enzyme pour des concentrations plus faibles. Ce qui aura pour conséquence une augmentation de l'activité enzymatique. Un activateur allostérique va donc favoriser la forme relâchée.

Tips : Si l'enzyme est dans une conformation T "tendue", c'est tendu pour qu'elle se lie à son substrat. Si elle est dans une conformation R relâchée, elle va se lier facilement à son substrat.

- E. **VRAI**, durant une crise de goutte, l'acide urique précipite dans les articulations. La xanthine oxydase est responsable de la transformation de la xanthine en acide urique. Ainsi en l'inhibant on diminue la quantité d'acide urique dans l'organisme réglant ainsi la crise de goutte.

QCM 29 : ADE

- A. **VRAI**, les voies métaboliques sont contrôlées par des enzymes allostériques. Ces enzymes sont souvent les premières enzymes des voies métaboliques. Ainsi, les produits de ces voies vont agir comme **rétrocontrôle négatif ou rétro inhibition** pour ralentir leur production.
- B. **FAUX**, lorsque le K_m est supérieur à la concentration en substrat, une faible variation de concentration de ces substrats modifie la vitesse des réactions. Une **régulation** à ce niveau est donc possible.

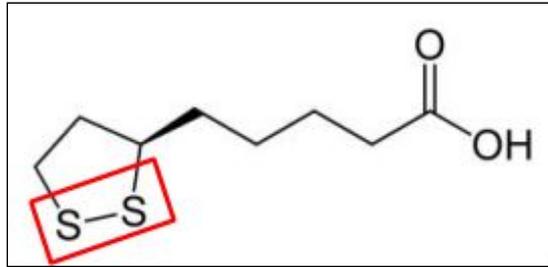


Rappel : il y n'a pas de possibilité de **régulation de la vitesse de réaction** lorsque le K_m est nettement inférieur à la concentration en substrat. En effet, la vitesse n'est pas modifiée et est égale à la V_{max} quelle que soit la variation de concentration en substrat.

- C. **FAUX**, le trypsinogène est une enzyme synthétisée sous forme inactive ou proenzyme. Elle est activée par protéolyse limitée, c'est une **réaction irréversible**.
- D. **VRAI**, le taux d'enzyme est régulé génétiquement de façon à adapter chaque cellule aux conditions métaboliques et à ces besoins.
- E. **VRAI**, c'est notamment le cas de la glycogène synthase (glycogénogénèse) et de la glycogène phosphorylase (glycogénolyse).

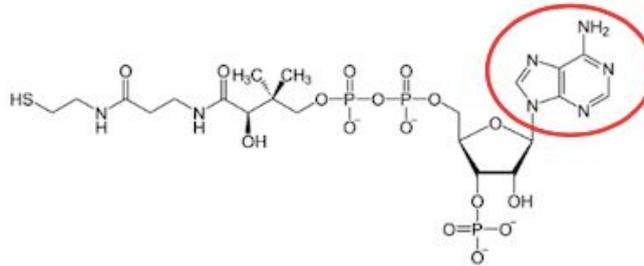
QCM 30 : ABCE

- A. **VRAI**, le coenzyme NAD⁺/NADH a, par exemple, un rôle important durant la chaîne respiratoire de la mitochondrie.
- B. **VRAI**, l'**acide L-ascorbique ou vitamine C** a un rôle essentiel dans la production de collagène. Il participe à l'hydroxylation des acides aminés PRO et LYS qui forment le collagène.
- C. **VRAI**, l'acide lipoïque possède sous forme oxydée **un pont disulfure** sur son site actif (encadré en rouge). Ce co-enzyme participe également au **transfert de groupements acyls**.

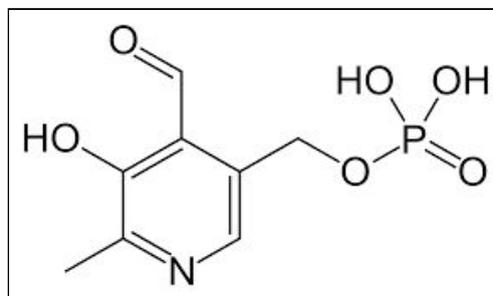


- D. **FAUX**, le composé représenté est le **co-enzyme A ou Coa-SH**.

Nota Bene : on retrouve dans la partie entourée en rouge la base azotée adénine qui donne la lettre A au Co-enzyme A.



QCM 31 : ACDE



- B. **FAUX**, ce coenzyme est un dérivé de la vitamine B6.
- D. **VRAI**, l'ubiquinone sert de transporteur d'électrons.
- E. **VRAI**, ce peptide s'écrit γ -GLU-CYS-GLY.

QCM 32 : CDE

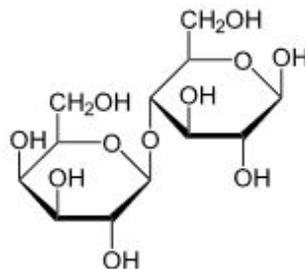
- A. **FAUX**, les glycoprotéines contiennent en moyenne 1-40% de glucides contre 95% pour les protéoglycanes.
- B. **FAUX**, les protéines glypiées sont l'association de glucides et de **lipides**.
- D. **VRAI**, parmi les osides on trouve les hétérosides qui contiennent en effet une fraction non glucidique.

QCM 33 : BE

- A. **FAUX**, c'est suite à une oxydation **douce** que l'on obtient un **acide aldonique**. Une oxydation **poussée** conduit à l'obtention d'un **acide aldarique**.
- B. **VRAI**, on obtient un acide uronique après oxydation de la fonction alcool primaire en C6. Par conséquent, il est nécessaire de protéger C1 par méthylation.
- C. **FAUX**, la réduction du glucose conduit au **sorbitol**.
- D. **FAUX**, la réduction du mannose conduit au **mannitol**.
- E. **VRAI**, la conjugaison à l'acide glucuronique permet d'augmenter la solubilité des composés ce qui facilite leur élimination dans les urines. Il a donc bien un rôle de détoxification de l'organisme par le foie.

QCM 34 : BCD

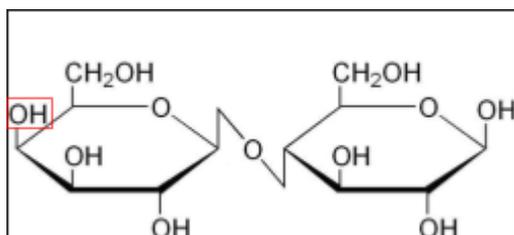
- A. **FAUX**, pour déterminer l'ose réducteur il faut d'abord faire une **oxydation douce** suivie d'une hydrolyse. Ainsi, seul le carbone anomérique de l'ose réducteur est oxydé. Suite à l'hydrolyse on obtient un ose (ose non réducteur) et un acide aldonique (ose réducteur).
- B. **VRAI**, la méthode des méthylations consiste à mettre un méthyle sur chaque hydroxyle du disaccharide à l'exception des hydroxyles engagés dans la liaison osidique. Ensuite, on fait une hydrolyse acide et toutes les méthylations résistent sauf celle liée au carbone anomérique. Ainsi les carbones sans méthyle sont :
- le carbone anomérique.
 - les carbones engagés dans la liaison osidique.
- C. **VRAI**, Cf. item B.
- D. **VRAI**, les enzymes utilisées sont très spécifiques, elles n'agissent qu'en présence de liaison α ou β . Ceci nous permet donc de déterminer la configuration anomérique de la liaison osidique.
- E. **FAUX**, voici une représentation du lactose qui se nomme β -D-galactopyranosyl(1 \rightarrow 4) D-glucopyranose.



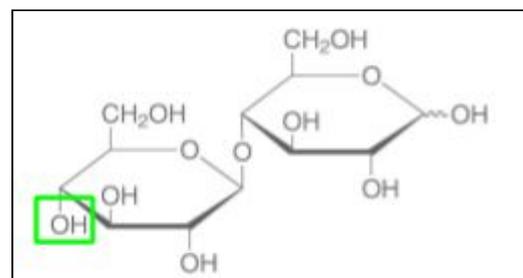
La lactase clive une liaison β osidique donc il s'agit d'une **β -D-galactosidase**.

QCM 35 : BDE

- A. **FAUX**, le composé se nomme : **β -D-galactopyranosyl(1 \rightarrow 4)D-glucopyranose (lactose)**. Ici le premier hexose est un **galactose** avec le **OH encadré en rouge vers le haut** à la différence de la cellobiose β -D-glucopyranosyl(1 \rightarrow 4)D-glucopyranose où on retrouve 2 glucoses reliés avec un OH situé vers le bas encadré en vert. Le cellobiose se nomme donc **β -D-glucopyranosyl(1 \rightarrow 4)D-glucopyranose**.



Lactose



Cellobiose

- B. **VRAI**, c'est un composé réducteur car seule une fonction carbonyle est engagée dans la liaison et un des deux oses a son carbone anomérique libre. Ce sont des composés **osyl-ose**. **NB** : le seul composé non réducteur est le saccharose.

- C. **FAUX**, l'amidon libère lors de sa digestion du maltose, du maltotriose et des dextrines.
E. **VRAI**, l'intolérance au lactose provoque des diarrhées suite à l'accumulation de lactose non digéré.

QCM 36 : AC

A. **VRAI**, l'amidon est formé de deux parties :

- 20% **d'amylose** qui est une chaîne linéaire d' α -D-glucopyranoses reliées en $\alpha(1-4)$
- 80% **d'amylopectine** qui est une chaîne d' α -D-glucopyranoses reliées en $\alpha(1-4)$ et ramifiées en $\alpha(1-6)$ tous les 20-25 résidus.

B. **FAUX**, le glycogène est formé de chaîne d' α -D-glucopyranoses **reliées en $\alpha(1-4)$ et ramifiées en $\alpha(1-6)$.**

D. **FAUX**, ce sont des glycosaminoglycanes sulfatés.

Rappel : C'est l'acide hyaluronique qui est non sulfaté.

E. **FAUX**, la chitine est un polymère d'unités GlcNAc (N-acétyl-glucosamine) reliés en $\beta(1-4)$.

Rappel : c'est la cellulose qui est constituée de chaîne de β -D-glucopyranose reliées en $\beta(1-4)$.