



Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2018 - 2019

Unité d'Enseignement UE1

Epreuve 2

Correction détaillée

**Sibylle MIRAILLER
Violette SIMON
Alix ROUSSANNES
Léonie GARNIER
Christina GHOLAM
Thelma PINTENO**

Correction rapide

Questions	Item(s) juste(s)
1	ACE
2	B
3	BD
4	ACE
5	E
6	BE
7	ACE
8	BCD
9	BD
10	BD
11	CE
12	DE
13	ACD
14	AE
15	ACD
16	E
17	ABC
18	ABD
19	D
20	ABE
21	ABDE
22	BDE

Questions	Item(s) juste(s)
23	DE
24	ACE
25	ABD
26	E
27	B
28	C
29	B
30	CE
31	ABC
32	A
33	ABCE
34	CD
35	AD
36	C
37	B
38	DE
39	BC
40	AD
41	ACE
42	BE
43	BCE
44	BDE
45	D
46	ABCDE

Correction détaillée

Question 1 : ACE

- A. Les métaux possèdent une faible électronégativité.
- B. Le carbone possède une charge nucléaire effective supérieure à celle du soufre.
- C. Les orbitales p présentent un plan nodal.
- D. La résonance augmente l'énergie de la molécule.
- E. Quand l'ordre de liaison augmente, la longueur de la liaison diminue.

A VRAI Elle est inférieure à deux. Tandis que pour les non métaux elle est supérieure à 2. Les non métaux ont donc une électronégativité élevée.

B FAUX C'est l'inverse. En effet, la charge nucléaire effective augmente vers le bas et la droite du tableau. Le carbone se situe sur la deuxième période du tableau contrairement au soufre qu'on retrouve sur la troisième période. De plus le carbone est situé sur la 14ème colonne et le soufre sur la 16ème. Le soufre a donc une charge nucléaire effective supérieure à celle du carbone.

C VRAI Ce plan est perpendiculaire à l'axe de l'orbitale.

D FAUX Attention, la résonance ABAISSE l'énergie de la molécule.

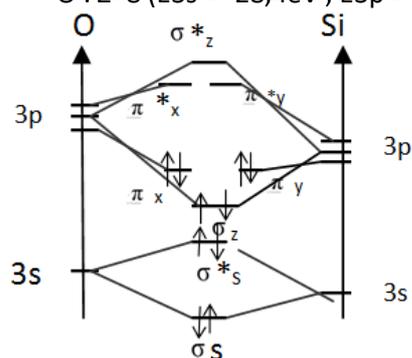
E VRAI : En effet quand l'ordre de liaison augmente, l'énergie de la liaison augmente et par conséquent la longueur de la liaison diminue.

Question 2 : B

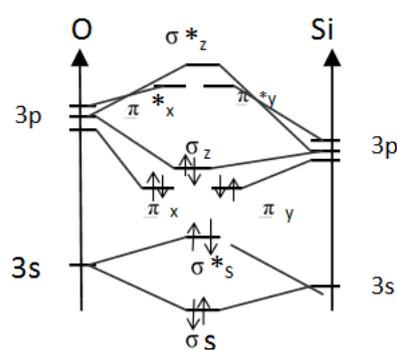
Soit la molécule de SiO. Parmi les propositions A à E suivantes représentant les diagrammes d'orbitales, indiquer celle(s) qui est/sont juste(s):

Données : Si : Z=14 ($E_{3s} = -32,6\text{eV}$; $E_{3p} = -22,2\text{eV}$)

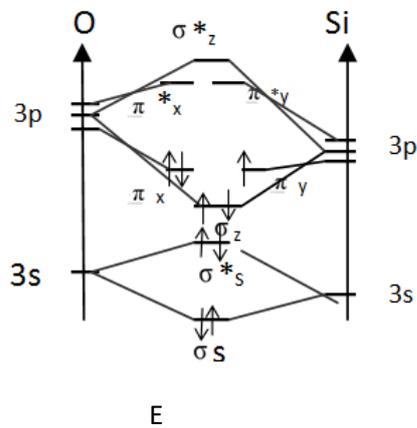
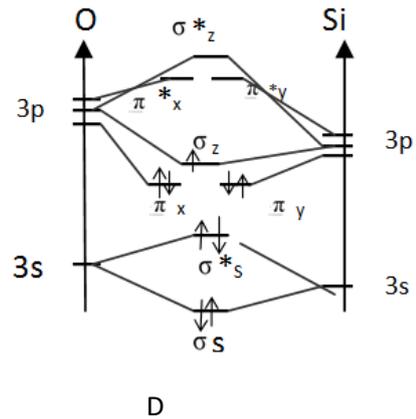
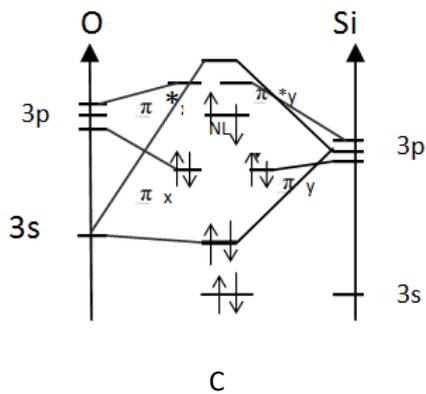
O : Z=8 ($E_{3s} = -28,4\text{eV}$; $E_{3p} = -17,4\text{eV}$)



A



B



Quand on se retrouve face à ce genre d'exercice il faut toujours procéder par étapes.

Étape numéro 1 :

Il faut prendre le niveau de plus basse énergie (donc ici la 3s de Si) et déterminer s'il est espacé de moins de 10eV avec les autres niveaux de l'autre atome. Ici, on voit qu'elle est à moins de 10 eV de la 3s de l'oxygène. Il va donc avoir une hybridation entre ces deux niveaux d'énergies : hybridation s-s.

Réponse **C FAUX**.

Étape numéro 2 :

On remonte vers les niveaux d'énergies plus élevés.

On va donc regarder si la 3p du Si est à moins de 10eV d'un autre niveau d'énergie de l'oxygène. Ici, elle a moins de 10eV de la 3s de l'O. Il va donc avoir une hybridation p-p.

Étape numéro 3 :

On regarde s'il y a une interaction sp. Attention à bien différencier l'hybridation sp d'un recouvrement sp.

Recouvrement sp : Quand un niveau d'énergie s est à moins de 10eV d'un niveau p de l'autre atome et que le niveau d'énergie s ne peut pas faire de recouvrement avec une autre s de l'autre atome. On va retrouver une hybridation s-p.

Interaction sp : Il faut une hybridation s-s et une hybridation p-p + moins de 10eV entre le niveau s d'un atome et le niveau p de l'autre atome.

Ici, comme on vient de le voir on a une hybridation s-s et une p-p et on retrouve moins de 10 eV entre le niveau 3s de l'O (-28,4eV) et le niveau 3p du Si (22,2eV).

On a donc une interaction sp qui se traduit par la pollution de s dans une orbitale P_z , c'est à dire que le niveau d'énergie $\sigma(pz)$ va remonter au dessus des niveaux pi x et y dans le diagramme d'orbitales moléculaires.

Réponse **A FAUX** et **E FAUX**.

Étape numéro 4 :

On calcule le nombre d'électrons présent sur la couche externe de chacun des atomes :

Si : $Z=14 : 1s^2 2s^2 2p^6 3s^2 3p^2 = 4$ électrons

O : $Z=8 : 1s^2 2s^2 2p^4 = 6$ électrons

On a donc 10 électrons à répartir sur le diagramme. Les électrons se dispose tout d'abord sur les niveaux d'énergie les plus bas donc vont commencer par occuper le niveau d'énergie 3s.

Sur le diagramme D on a 9 électrons donc **D FAUX** et **B VRAI**.

Question 3 : BD

- A. L'ordre de liaison vaut 2.5
- B. L'ordre de liaison vaut 3
- C. L'ordre de liaison vaut 3.5
- D. La molécule est diamagnétique
- E. La molécule est paramagnétique

Calcul de l'ordre de liaison :

$$\frac{\text{nombre d'électrons liants} - \text{nombre d'électrons antiliants}}{2}$$

Donc on compte, dans notre molécule nous avons 8 électrons liant et 2 électrons non liant. Donc :

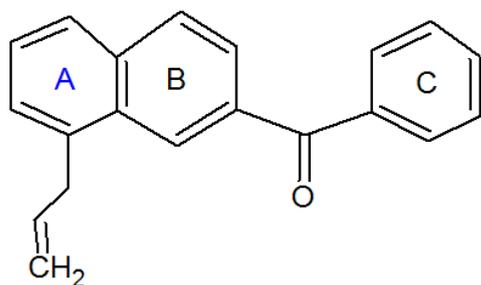
$$\frac{(8 - 2)}{2} = 3$$

Réponse **B VRAI** et **A** et **C FAUX**.

D VRAI La molécule est dite diamagnétique car elle ne possède pas d'électron célibataire.

E FAUX Cf item D.

Question 4 : ACE



- A. Le cycle A et le cycle B sont dans le même plan.
- B. La chaîne aliphatique est dans le même plan que le cycle A.
- C. Le cycle A et le C sont hyperconjugués entre eux.
- D. Le carbone du cycle A porteur de la chaîne aliphatique est hybridé sp^3 .
- E. Tous les carbones du cycle C sont hybridés sp^2 .

Pour ce genre d'exercice, il y a deux choses à savoir :

- La présence d'une double ou d'une triple liaison induit un effet de rigidification de la molécule, c'est à dire que la liaison est bloquée dans un plan unique et donc ne peut plus tourner.

- L'enchaînement liaison simple-double-simple entraîne une hyperconjugaison avec possibilité de délocalisation d'une double liaison ce qui rend rigide une liaison simple. Celle-ci ne peut plus tourner.

A VRAI On a bien l'enchaînement simple-double-simple, ces deux cycles sont donc dans le même plan.

B FAUX On ne retrouve le phénomène d'hyperconjugaison entre les deux, ils ne sont donc pas dans le même plan.

C VRAI Là encore nous trouvons le cycle simple-double-simple liaison ils sont donc par conséquent dans le même plan et hyperconjugués entre eux.

D FAUX Il est hybridé sp^2 . Les atomes sont dits hybridés :

- sp^3 quand ils sont reliés à leurs atomes voisins que par des liaisons simples

- sp^2 quand ils sont liés par une double liaison et des liaisons simples ou quand atome N, O sont porteurs d'un doublet libre et sont liés à un atome hybridé sp^2 .

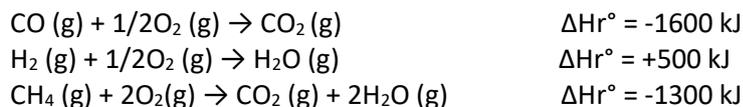
- sp quand ils sont liés par une triple liaison + 1 liaison simple (dans le cas du carbone) ou par deux doubles liaisons.

Ici, le carbone est relié par une double liaison et deux liaisons simples il est donc hybridé sp^2 .

E vrai Ils sont tous reliés à leur atome par une double liaison et deux liaisons simples.

Question 5 : E

Soit les réactions suivantes :



Calculer le ΔH_r° de la réaction suivante :

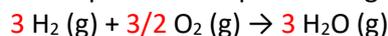


- A. 200 kJ
- B. -1200 kJ
- C. -200 kJ
- D. -1400 kJ
- E. 1200 kJ

On souhaite obtenir la réaction suivante : $\text{CO (g)} + 3\text{H}_2 \text{ (g)} \rightarrow \text{CH}_4 \text{ (g)} + \text{H}_2\text{O (g)}$

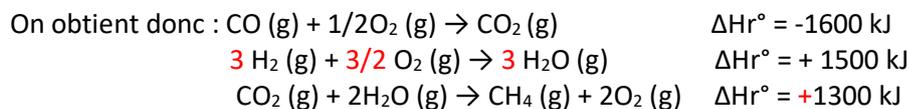
Donc pour obtenir le bon nombre de CO (g) : On se sert de la première réaction qui nous ai donnée, soit : $\text{CO (g)} + 1/2\text{O}_2 \text{ (g)} \rightarrow \text{CO}_2 \text{ (g)}$: Le CO est présent en bonne quantité et est en tant que réactif. On utilise donc une fois la réaction numéro 1 dans le sens direct, on prend donc la valeur de son enthalpie qui vaut $\Delta H_r^\circ = -1600 \text{ kJ}$.

Pour obtenir le bon nombre de H₂ (g) : On utilise la deuxième réaction : $\text{H}_2 \text{ (g)} + 1/2\text{O}_2 \text{ (g)} \rightarrow \text{H}_2\text{O (g)}$. On doit multiplier le nombre de moles et l'enthalpie de la réaction par 3 pour obtenir le bon nombre de H₂. Cependant le H₂ est bien présent en réactif on utilise donc la réaction dans le sens direct et par conséquent on n'a pas a changé le signe de son enthalpie :

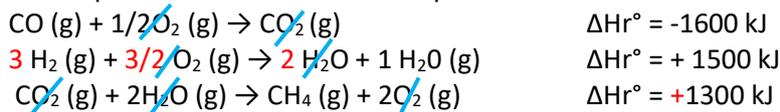


En utilisant cette réaction on voit également qu'on obtient l'H₂O des produits de la réaction que l'on cherche. On prend comme enthalpie : $\Delta H_r^\circ = 3 * 500 \text{ kJ} = +1500 \text{ kJ}$

Pour obtenir le CH₄ (g) : On utilise la troisième réaction : $\text{CH}_4 \text{ (g)} + 2\text{O}_2 \text{ (g)} \rightarrow \text{CO}_2 \text{ (g)} + 2\text{H}_2\text{O (g)}$ On a donc le bon nombre de CH₄. Cependant le CH₄ est ici un réactif or nous souhaitons obtenir un produit, on prend donc la réaction dans le sens indirect et on change le signe de l'enthalpie : $\text{CO}_2 \text{ (g)} + 2\text{H}_2\text{O (g)} \rightarrow \text{CH}_4 \text{ (g)} + 2\text{O}_2 \text{ (g)}$ et $\Delta H_r^\circ = +1300 \text{ kJ}$



On élimine les molécules présentent à la fois dans les produits et dans les réactifs:



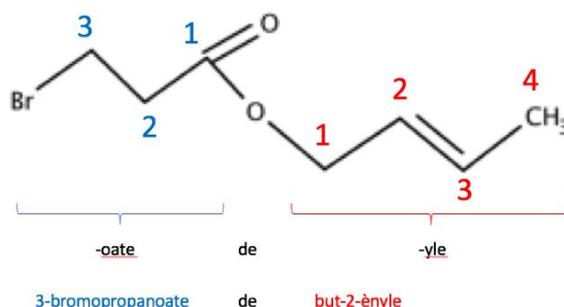
Il nous reste donc : $\text{CO (g)} + 3\text{H}_2 \text{ (g)} \rightarrow \text{CH}_4 \text{ (g)} + \text{H}_2\text{O (g)}$
On additionne les enthalpies $-1600 + 1500 + 1300 = +1200 \text{ kJ}$

Réponse **E VRAI**

Question 6 : BE

Parmi les propositions suivantes A à E suivantes, la(les)quelle(s) associe(ent) un nom exact, selon la nomenclature IUPAC, à la structure proposée ?

A FAUX les deux parties ont été inversées :



B VRAI $C_2H_5 \leftrightarrow CH_3-CH_2 \leftrightarrow$ éthyl

Pour la nomenclature d'un amine, chaque élément qui part du N se traite séparément. Ici on a : - 2 fois un éthyl

- 1 fois une chaîne de 3 carbone avec une double liaison en 1 : prop-1-ène

→ Pour choisir lequel de ces groupements portera le suffixe -amine, on choisit la plus longue chaîne carbonée : ici donc le groupement prop-1-ène.

→ Les autres groupements seront précéder par «N- ». Ici ils sont identiques ce qui donne : N,N-diéthyl

→ En associant le tout, on obtient le N,N-diéthylprop-1-ène-1-amine.

C FAUX Il y a un problème dans le choix de la racine carbonée.

Il faut toujours garder la même méthode pour nommer une molécule :

On utilise la méthode suivante :

- trouver la fonction prioritaire : acide carboxylique : acide -oïque

- trouver la racine carbonée : 10 carbones → racine dec-

- trouver les liaisons multiples :

- une liaison double E en 2 → (2E)- -2-ène

- une liaison triple en 6 → 6-yne

- rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) :

- fonction brome en 5 → 5-bromo

- fonction chlore en 5 → 5-chloro

- fonction méthyl en 8 → 8-méthyl

- configuration des carbones asymétriques :

- carbone de configuration R en 5 → 5R

- carbone de configuration S en 8 → 8S

→ Ce qui donne l'acide (5R,8S,2E)-5-bromo-5-chloro-8-méthyldec-2-ène-6-ynoïque.

D FAUX ATTENTION ce qui compte pour les fonctions secondaires lors de leur classement par ordre alphabétique c'est le nom du groupement, et pas le « d » de « di- ».

On utilise la méthode suivante :

- trouver la fonction prioritaire : amide → -amide

- trouver la racine carbonée : 6 carbones → racine hex-

- rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) :

- deux fonctions phényl en 4 → 4-diphényl

- une fonction méthyl en 2 → 2-méthyl

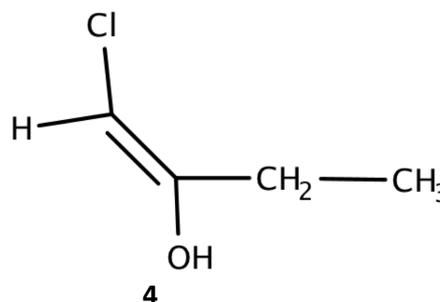
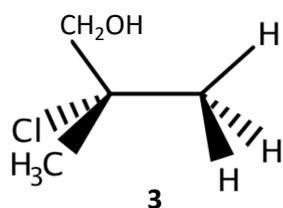
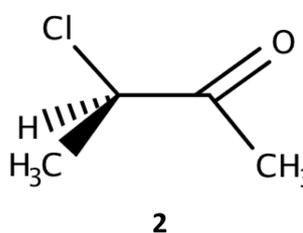
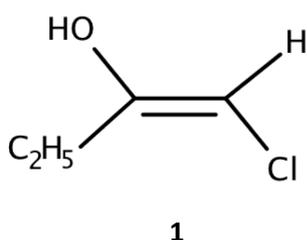
- configuration des carbones asymétriques : un carbone asymétrique R en 2 → 2R
→ Ce qui donne le (2R)-2-méthyl-4-diphénylhexanamide.

E VRAI On utilise la méthode suivante :

- trouver la fonction prioritaire : cétone en 3 → 3-one
 - trouver la racine carbonée : 6 carbones → racine hex-
 - trouver les liaisons multiples : une double liaison Z en 4 → (Z)- ... - 4-ène
 - rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) : une fonction alcool en 5 → 5-hydroxy
- Ce qui donne le (Z)-5-hydroxy-4-èn-3-one.

Énoncé pour les questions 7 et 8 :

Ces deux questions sont relatives aux structures suivantes :



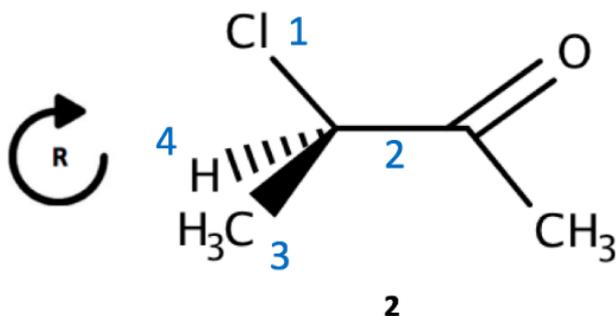
Question 7 : ACE

- A. **1** et **2** sont isomères de constitution.
- B. **1** est chiral.
- C. Il existe un énantiomère de **2**, de configuration S.
- D. **1** et **4** sont diastéréoisomères.
- E. **3** ne possède aucun lien d'isomérisation avec les autres structures.

A VRAI ils n'ont en commun que leur formule brute : C₄H₇OCl.

B FAUX pour être chiral il doit posséder un carbone asymétrique, la double liaison même si elle est stéréogène, ne rend pas la molécule chirale.

C VRAI 2 ne possède qu'un carbone asymétrique de configuration R, il existe donc son énantiomère qui serait de configuration S.



D FAUX 1 et 4 sont identiques, $C_2H_5 \Leftrightarrow CH_2-CH_3$.

E VRAI il est le seul à avoir comme formule brute C_4H_9OCl , alors que les autres ont comme formule brute C_4H_7OCl .

Question 8 : BCD

- A. **3** ne possède qu'un seul carbone asymétrique de configuration R.
- B. **1** se nomme le (E)-1-chlorobut-1-èn-2-ol.
- C. **4** possède une double liaison stéréogène de configuration E comme entgegen.
- D. **4** est un isomère de constitution de **2**.
- E. **3** se nomme le 2-chloro-2-méthylpropan-1-one.

A FAUX il ne possède pas de carbone asymétrique.

B VRAI on utilise toujours la même méthode :

- trouver la fonction prioritaire : alcool en position 2 → 2-ol
- trouver la racine carbonée : 4 carbones → racine but-
- trouver les liaisons multiples : en position 1 de configuration E (on place les carbones afin que la double liaison soit portée par le plus petit carbone) → (E) ... 1-ène
- rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) : une fonction chlore sur le carbone 1 → 1-chloro
→ Ce qui donne le (E)-1-chlorobut-1-èn-2-ol.

C VRAI

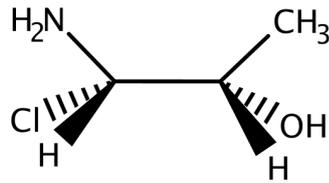
D VRAI ils ont la même formule brute.

E FAUX ce n'est pas une cétone mais un alcool. Pour le nommer, on utilise la méthode suivante :

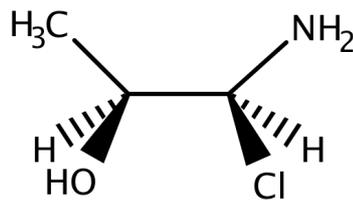
- trouver la fonction prioritaire : alcool en position 1 → 1-ol
- trouver la racine carbonée : 3 carbones → racine prop-
- rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) :
 - une fonction chlore en position 2 → 2-chloro
 - une fonction méthyle en position 2 → 2-méthyl
- configuration des carbones asymétriques : pas de carbone asymétrique
→ Ce qui donne le 2-chloro-2-méthylpropan-1-ol.

Question 9 : BD

Concernant la molécule suivante :



- A. Ce composé porte une fonction amine secondaire.
- B. Cette molécule est éclipsée.
- C. Selon la nomenclature IUPAC, cette molécule se nomme le (2S,3S)-3-amino-3-chloropropan-1-ol.
- D. Elle comporte une fonction alcool secondaire.
- E. Parmi les trois isomères de configuration de cette molécule, il y a la suivante :



A FAUX c'est une fonction amine primaire
Petit rappel concernant l'ordre de priorité :

- 1 : acide carboxylique
- 2 : ester
- 3 : nitrile**
- 4 : amide**
- 5 : aldéhyde
- 6 : cétone
- 7 : alcool
- 8 : thiol
- 9 : amine

Achley espère naiser pour amadouer Aldo

Acide carboxylique Ester Nitrile Amide Aldéhyde

un **certain alcoolique très amoureux**

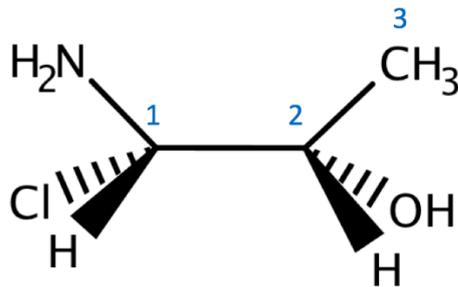
Cétone Alcool Thiol Amine

B VRAI

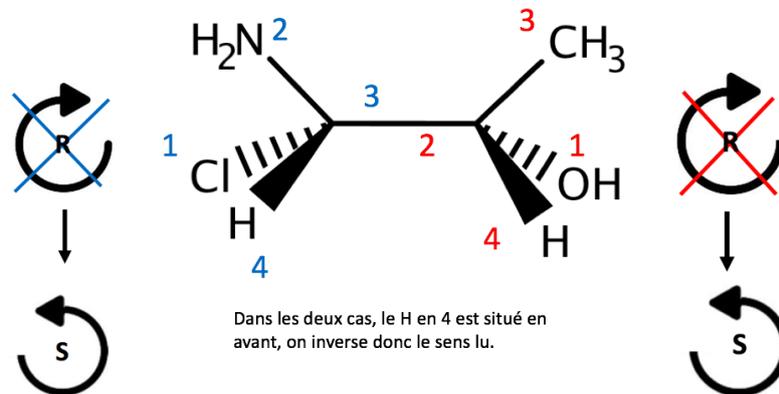
	Représentation de Cram	Représentation de Newman
Conformation décalée	 En « zig-zag »	
Conformation éclipsée	 En « U »	

C FAUX Les groupements secondaires ne portent pas les plus petites valeurs possibles. On utilise toujours la même méthode pour nommer une molécule :

- trouver la fonction prioritaire : alcool en position 2 → 2-ol
- trouver la racine carbonée : 3 carbones → racine prop-



- rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) :
 - une fonction amine en 1 → 1-amino
 - une fonction chlore en 1 → 1-chloro
 - configuration des carbones asymétriques : → (1S,2S)



→ Ce qui donne le (1S,2S)-1-amino-1-chloropropan-2-ol.

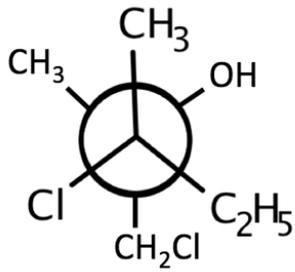
D VRAI puisque le carbone lié au groupement « OH », ne porte qu'un seul H.

Alcool I ^{aire}		Alcool II ^{aire}		Alcool III ^{aire}	
Le carbone lié au OH est lui-même lié à 1 groupement carboné.	$\begin{array}{c} R \\ \\ H-C-OH \\ \\ H \end{array}$	Le carbone lié au OH est lui-même lié à 2 groupements carbonés.	$\begin{array}{c} R \\ \\ R-C-OH \\ \\ H \end{array}$	Le carbone lié au OH est lui-même lié à 3 groupements carbonés.	$\begin{array}{c} R \\ \\ R-C-OH \\ \\ R \end{array}$

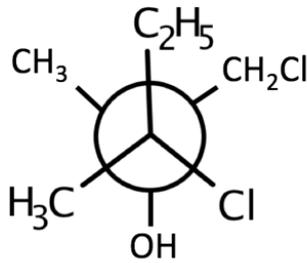
E FAUX cette molécule est identique à celle initiale, elle est juste vu de l'autre côté.

Question 10 : BD

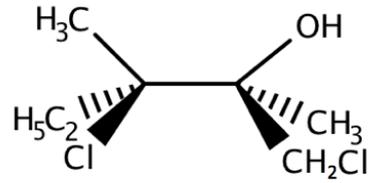
Concernant les molécules suivantes :



1

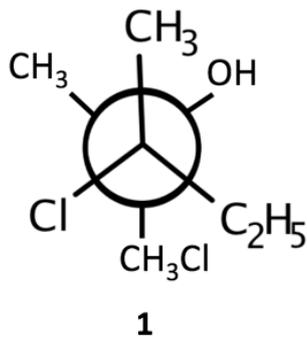


2

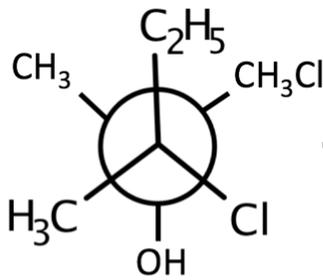
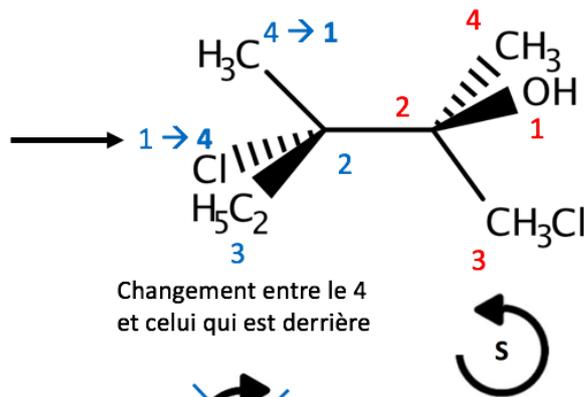


3

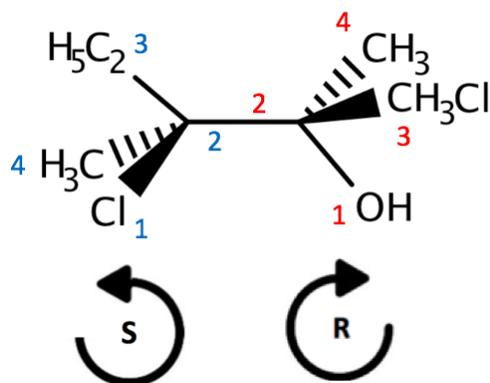
- A. 1 et 2 sont énantiomères.
- B. 3 et 1 sont diastéréoisomères.
- C. 2 et 3 sont diastéréoisomères.
- D. Ces trois molécules possèdent deux carbones asymétriques, elles sont chirales.
- E. 2 et 3 sont dans la même conformation.

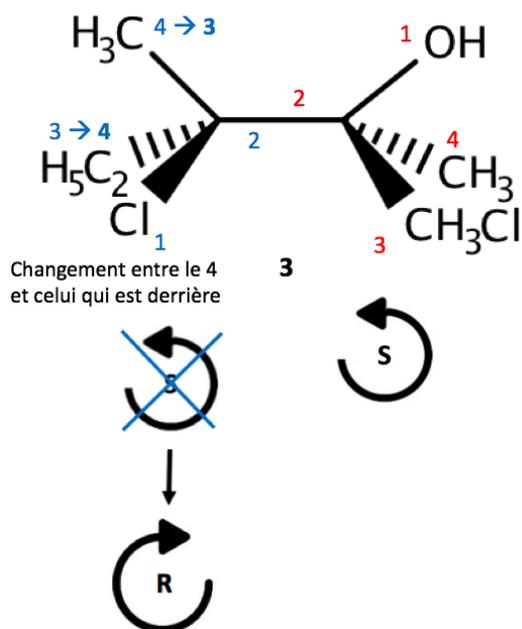


1



2





A FAUX ils sont diastéréoisomères.

B VRAI

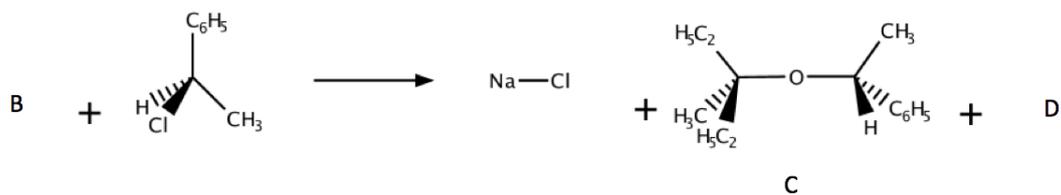
C FAUX ils sont énantiomères.

D VRAI

E FAUX **2** est de conformation décalée et **3** est éclipsée.

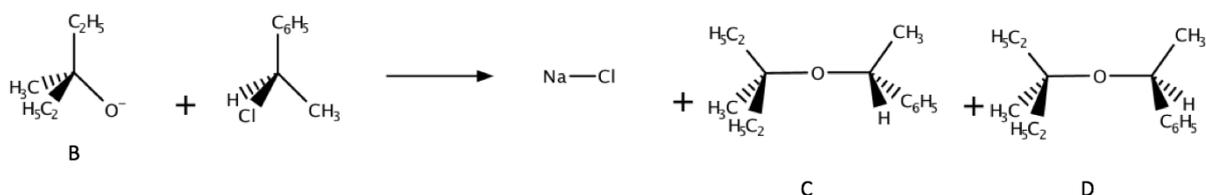
Question 11 : CE

À propos de la réaction suivante :



- A. **B** est un alcool primaire, cette réaction est donc une réaction de Williamson de type SN2.
- B. Cette réaction se fait en seul temps, il n'y a donc pas de formation de carbocation.
- C. **C** et **D** sont énantiomères.
- D. **B** est un carbocation.
- E. **D** est un éther.

Voici la réaction complète :



A FAUX le type de réaction est donné par le type de dérivé halogéné et non pas par celui de l'alcool. Il porte ici un groupe C_6H_5 qui possède un carbone hybridé sp^2 lié au carbone central. C'est donc une réaction de Williamson de type SN_1 .

B FAUX il y a formation d'un carbocation stable en SN_1 , ce qui n'est pas le cas en SN_2 .

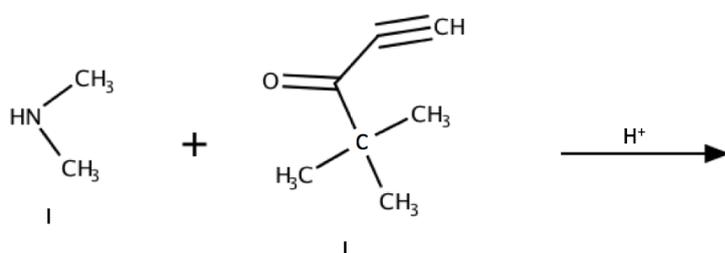
C VRAI ils ne possèdent qu'un seul carbone asymétrique, qui est de configurations différentes, on obtient un mélange racémique.

D FAUX c'est un alcoolate formé à partir d'un alcool par réaction acide/base.

E VRAI il est de la forme $H_3C-O-CH_3$.

Question 12 : DE

À propos de la réaction suivante :

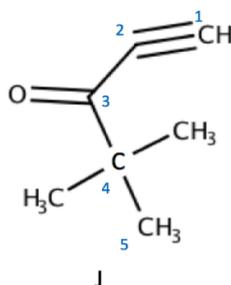


- A. On forme une énamine.
- B. J possède un carbone asymétrique.
- C. J se nomme le 4-triméthylbut-1-yn-3-one.
- D. I a pu être formé par réduction d'une imine.
- E. I est une amine secondaire.

A FAUX l'énamine ne peut pas être formé car il n'y a pas de H disponible pour faire la double liaison.

B FAUX il n'en possède aucun.

C FAUX On utilise toujours la même méthode pour nommer les molécules :



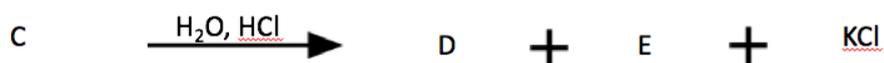
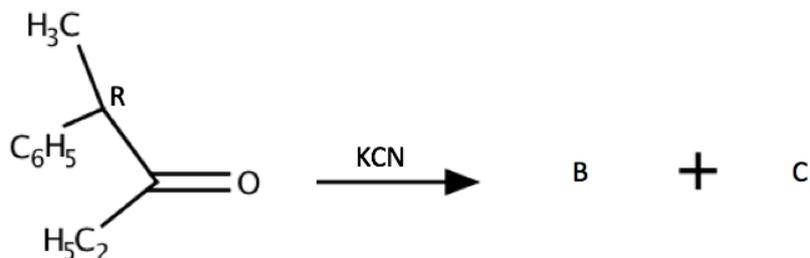
- trouver la fonction prioritaire : cétone en position 3 \rightarrow -3-one
 - trouver la racine carbonée : 5 carbones \rightarrow racine pent-
 - trouver les liaisons multiples : une triple liaison en 1 \rightarrow -1-yne
 - rechercher les fonctions secondaires (disposé par ordre alphabétique) : 2 fonctions méthyl en 4 \rightarrow 4-diméthyl
- \rightarrow Ce qui donne le 4-diméthylpent-1-yne-3-one.

D VRAI

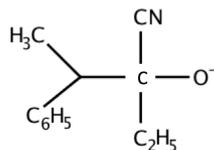
E VRAI

Question 13 : ACD

À propos de la réaction suivante :

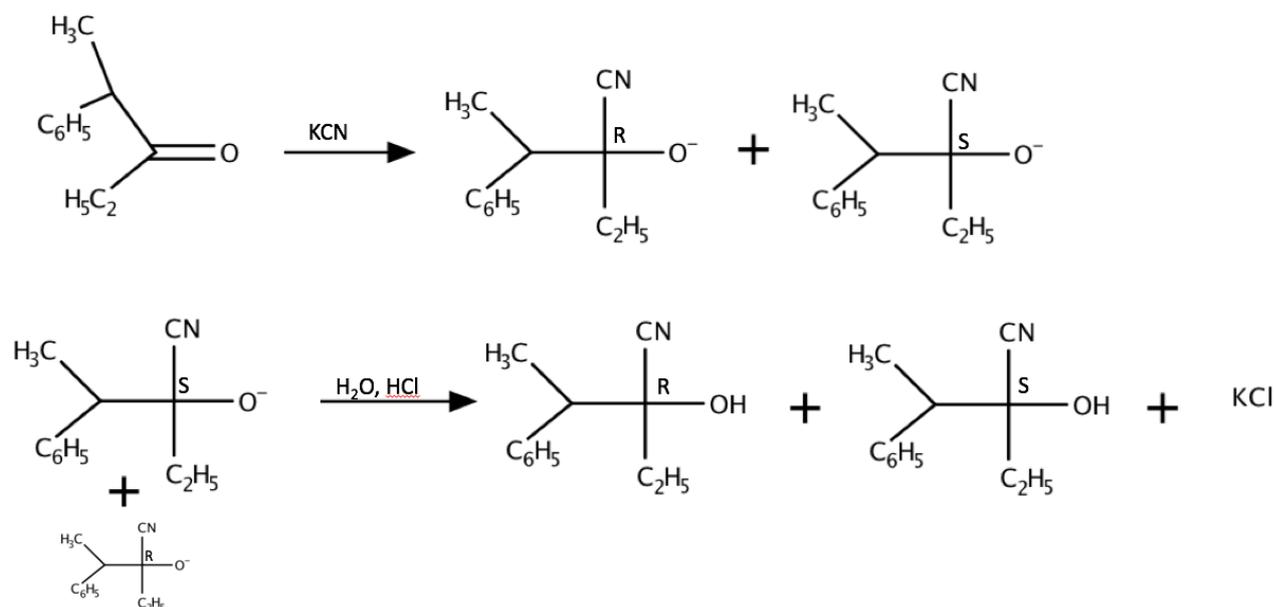


- A. La deuxième réaction passe par une réaction acide/base.
- B. **B** est un carbanion.
- C. **D** est une cyanhydrine.



- D. **B** possède la formule suivante :
- E. **B** et **C** sont énantiomères.

Voici la réaction complète :



A VRAI

B FAUX c'est un énolate.

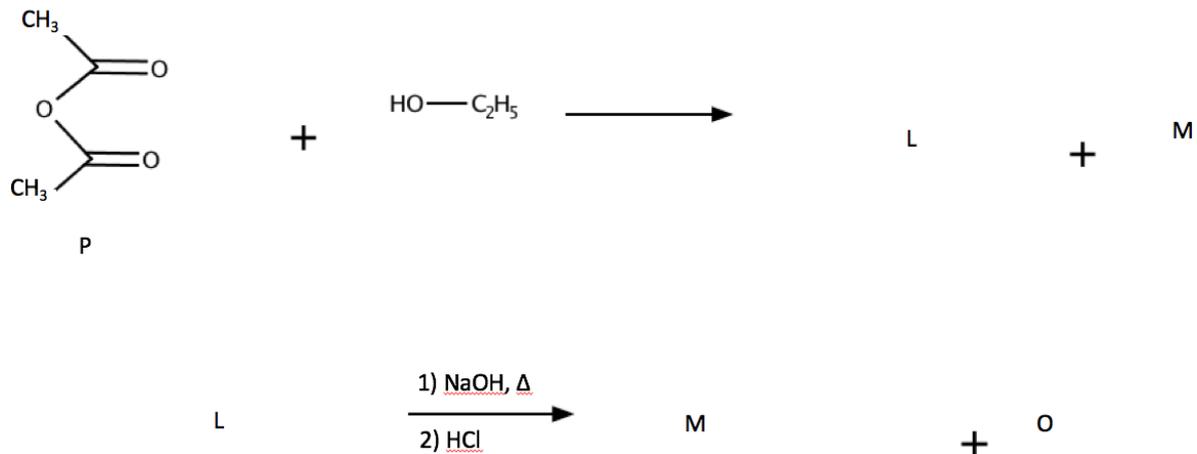
C VRAI

D VRAI

E FAUX la réaction est bien non-sélective mais C et D possèdent deux carbones asymétriques, dont un possédant la même configuration. Ils sont donc diastéréoisomères.

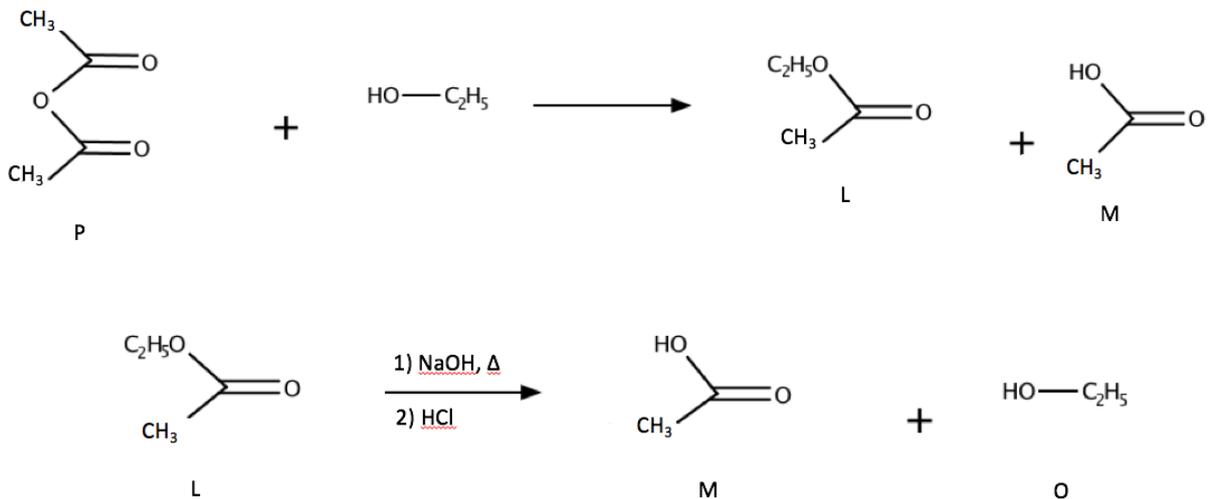
Énoncé pour les questions 14 et 15 :

Concernant les réactions suivantes (L est un ester) :



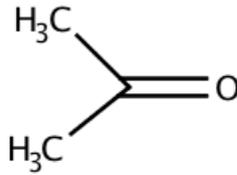
Correction pour les questions 14 et 15 :

Voici les réactions complètes :



Question 14 : AE

- A. La première étape de la réaction est une addition nucléophile.
- B. **P** est un malonate.
- C. **L** et **M** sont énantiomères.



- D. **L** est la molécule suivante :
 E. **M** est un acide carboxylique.

A VRAI

B FAUX c'est un anhydride d'acide.

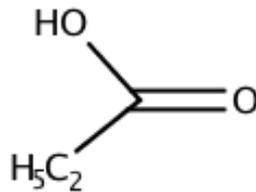
C FAUX **L** est un ester et **M** est un acide carboxylique.

D FAUX

E VRAI

Question 15 : ACD

- A. La réaction de **L** avec NaOH est une saponification.



- B. **M** est la molécule suivante :



- C. **O** est la molécule suivante :
 D. La première étape de la deuxième réaction est une addition nucléophile.
 E. **M** se nomme l'acide 2-hydroxyéthanoïque.

A VRAI

B FAUX

C VRAI

D VRAI

E FAUX On utilise toujours la même méthode :

- trouver la fonction prioritaire : acide carboxylique → acide -oïque
 - trouver la racine carbonée : 2 carbones → racine éth-
- Ce qui donne l'acide éthanoïque.

Énoncé questions 16 à 18 :

E P N W P C Y L O L C Q E F A G H D M K I L L

Question 16 : E

- A. Ce peptide contient 2 acides aminés qui peuvent être décarboxylés.
- B. Tous les acides aminés de ce peptide sont d'origine humaine.
- C. Ce peptide contient au moins un acide aminé phosphorylable et l'acide aminé le plus polaire.
- D. L'isoleucine, la valine et l'alanine sont des acides aminés apolaires à chaîne aliphatique ramifiée.
- E. La protéine Tau, qui peut contenir des thréonines phosphorylées, protège du stress cellulaire quand elle fonctionne normalement.

A FAUX Il y a 3 AA pouvant être décarboxylés.

B FAUX O est la Pyrrolysine qui est un acide aminé présent chez les archéobactéries.

C FAUX Il contient bien un AA phosphorylable mais il ne contient pas d'Arg qui est l'AA le plus polaire.

D FAUX L'alanine a une chaîne aliphatique non ramifiée.

E VRAI

Question 17 : ABC

E P N W P / C Y / L O L / C Q E F / A G H D M / K I L L
1 2 3 4 5 6

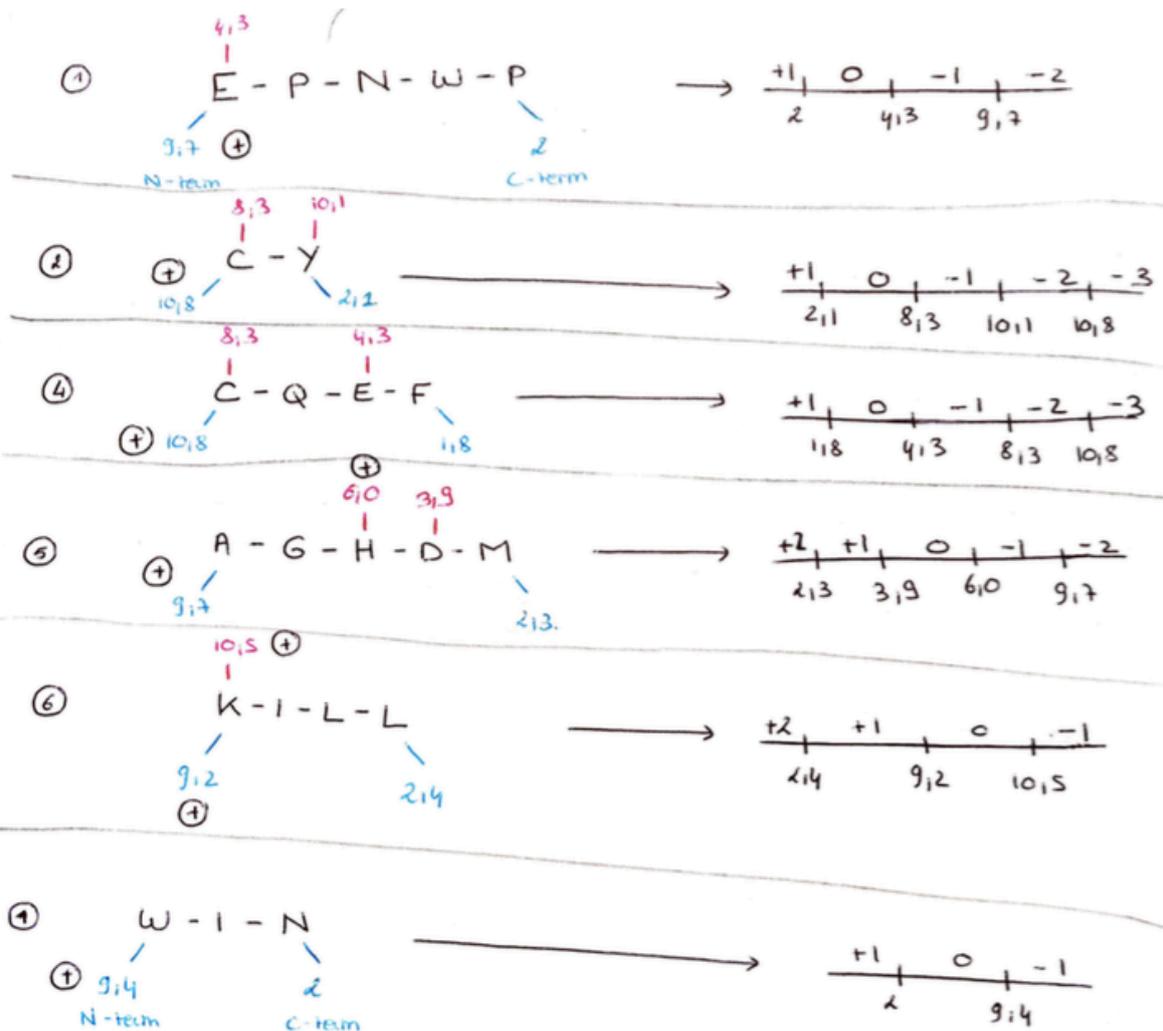
Coupages :

Bromure de cyanogène (BrCN) : après Met

Acide 2-nitro-thiocyanobenzoïque (NTCB) : avant Cys

Chymotrypsine en conditions standard : après F / Y / W SAUF si Pro derrière

- A. Les fragments n°1 et 4 et 5 ont deux charges négatives à pH= 10.
- B. Le peptide n°4 contient un acide aminé impliqué dans les thromboses et est moins abondant que la glycine dans l'organisme.
- C. Le fragment contenant un acide aminé avec un noyau imidazole a un pHi de 4,95.
- D. Le peptide « KILL » est neutre à pH=7.
- E. Tous les fragments sauf le n°3 sont chargés positivement à pH= 2.



A VRAI Voir schéma.

B VRAI

C VRAI C'est le fragment 5 $\rightarrow \text{pHi} = \frac{1}{2} (3,9 + 6,0) = 4,95$.

D FAUX À pH = 7, le peptide « KILL » a une charge de +1.

E FAUX Le fragment n°4 est neutre à pH = 2.

Question 18 : ABD

- La dopaquinone est un précurseur de la mélanine et correspond à une oxydation de L-Dopa par les rayonnements UV.
- Le facteur XIIIa est une transglutaminase qui retire le groupement amine d'une glutamine et forme une liaison iso-peptidique entre la glutamine et le groupement amine porté par le carbone ϵ d'une lysine.
- La bradykinine n'a pas d'activité inflammatoire.
- Si on avait digéré le peptide « Game over Bowser » avec de la Trypsine, on aurait eu 2 fragments distincts.
- Actuellement il y a une diminution du diabète dans le monde, surtout le diabète de type II.

A VRAI C'est du cours.

B VRAI C'est encore du cours.

C FAUX Justement elle en a une.

D VRAI Il y aurait eu une coupure après la lysine.

E FAUX C'est l'inverse : actuellement, il y a une augmentation du diabète dans le monde, particulièrement le diabète de type II.

Question 19 : D

- A. AG provenant du laurier.
- B. AG provenant du myrte.
- C. AG provenant de la palme.
- D. AG provenant du suif.
- E. Acide arachidique.

Le TAG est homogène, il est donc composé de 3 AG identiques

1) On cherche M(TAG) :

$$Is = \text{masse de KOH en mg} \rightarrow Is = 197 \cdot 10^{-3} \text{ g} \quad \text{et} \quad Is = n(\text{KOH}) \times M(\text{KOH}) \quad \text{car } m = n \cdot M$$
$$\rightarrow n(\text{KOH}) = \frac{Is}{M(\text{KOH})} \quad \text{or} \quad Is = m(\text{KOH}) \rightarrow \frac{Is}{M(\text{KOH})} = \frac{m(\text{KOH})}{M(\text{KOH})}$$

$$\text{De plus le TAG est composé de 3 AG} \rightarrow n(\text{TAG}) = \frac{n(\text{KOH})}{3}$$

$$\text{On a donc } n(\text{TAG}) = \frac{n(\text{KOH})}{3} \quad \text{et} \quad n(\text{TAG}) = \frac{m(\text{TAG})}{M(\text{TAG})}$$

$$\rightarrow n(\text{KOH}) = \frac{m(\text{KOH})}{3 \times M(\text{KOH})} = \frac{m(\text{TAG})}{M(\text{TAG})}$$

Or quand on fait une saponification on prend toujours 1g d'AG pour 1 mg de KOH, donc $m(\text{TAG}) = 1 \text{ g}$

$$\rightarrow M(\text{TAG}) = \frac{3 \times M(\text{KOH}) \times m(\text{TAG})}{m(\text{KOH})} = \frac{3 \times M(\text{KOH}) \times 1}{m(\text{KOH})} = \frac{3 \times 56 \times 1}{197 \cdot 10^{-3}} = 852$$

or $M(\text{KOH}) = M\text{K} + M\text{O} + M\text{H} = 39 + 16 + 1 = 56$ ici je vous le donnais pour aller plus vite mais au cas où.

2) On cherche le nombre de carbones du lipide pour pouvoir l'identifier :

On nous dit dans l'énoncé de l'acide gras est saturé $\rightarrow M(\text{AGS}) = 12n + 2n + 32$ (32 car $2 \times M\text{O}$)

$$\text{On a 3 AGI donc } M(\text{AGS}) \text{ de 1 seule AG} = M(\text{TAG}) / 3 \rightarrow M(\text{AGS}) = \frac{852}{3} = 284$$

$$\rightarrow M(\text{AGS}) = 12n + 2n + 32 \rightarrow M(\text{AGS}) = 14n + 32 \rightarrow n = \frac{M(\text{AGS}) - 32}{14} = \frac{284 - 32}{14} = 18$$

L'acide gras saturé présent 3 fois dans le lipide possède donc 18 carbones, C'est donc l'acide Sstéarique (18 : 0) provenant du suif. \rightarrow D VRAI

Question 20 : ABE

- A. Les acides gras essentiels sont d'origine végétale et animale.
- B. Les rétinoïdes sont des dérivés des carotènes.
- C. L'alpha-tocophérol est le précurseur du rétinol, rétinol et de l'acide rétinoïque.
- D. Les précurseurs des cyclooxygénases sont : Prostaglandine F2, Prostacycline I2 et Thromboxanes A2.
- E. PAF est le premier lipide décrit comme ayant des fonctions de messenger cellulaire.

A VRAI

B VRAI C'est du cours.

C FAUX C'est l'alpha-carotène qui est le précurseur du rétinol, rétinol et de l'acide rétinoïque.

D FAUX C'est les Thromboxanes B2.

E FAUX C'est une nouveauté de cette année.

Question 21 : ABDE

- A. Les acides gras n°3 et 5 ont autant d'insaturations.
- B. L'acide gras n°4 est présent dans les graines et l'huile de poisson.
- C. L'acide gras n°5 est à l'origine des icosanoïdes.
- D. Un acide gras (18 : 2) se serait positionné entre n°3 et n°4.
- E. L'acide gras n° 6 est d'origine animale.

Tout d'abord il faut extirper de l'énoncé les différents acides aminés et leur associer leur nombre de carbones et de doubles liaisons, puis les associés aux différents pics du graphique. Nous sommes dans la situation d'une chromatographie CPG, les règles à respecter sont donc :

- Augmentation du temps de rétention (TR) avec le nombre de Carbones du lipide
- Augmentation de TR avec l'augmentation du nombre de doubles liaisons (DL) du lipide

Ce qui nous donne les :

Pic n°1 : Acide n-hexadécénoïque → Acide palmitique (16 :0)

Pic n°2 : Acide cis-9-hexadécénoïque → Acide palmitoléique (16 :1)

Pic n°3 : Acide n-octadécénoïque → Acide stéarique (18 :0)

Pic n°4 : Acide tous cis-9-12-15-octadécatriénoïque → Acide α -linoléique (18 :3)

Pic n°5 : Acide n-icosanoïque → Acide arachidique (20 :0)

Pic n°6 : Acide cis-5,8,11,14-icosatétraénoïque → Acide arachidonique (20 :4)

A VRAI Ils ont tous deux aucunes insaturations.

B VRAI C'est l'acide α -linoléinique.

C FAUX C'est l'acide arachidonique qui est à l'origine des icosanoïdes.

D VRAI Il serait bien entre n°3 (18 :0) et n°4 (18 :3).

E VRAI L'acide arachidonique est d'origine animal.

Question 22 : BDE

- A. La réplication est semi-conservative et unidirectionnelle.
- B. Les gyrases bactériennes sont des topoisomérases de type II.
- C. Toutes les ADN polymérases ont une activité exonucléasique 5'→3' qui est nommée fonction de correction ou d'édition.
- D. L'ADN polymérase III n'agit pas toute seule mais est liée à d'autres protéines ce qui forme un complexe nommé holoenzyme.
- E. Chez les procaryotes, le brin retardé est constitué de fragments d'Okasaki.

A FAUX Attention à bien lire chaque item jusqu'au bout, elle est semi-conservative et bidirectionnelle.

B VRAI Elles sont donc ATP-dépendantes et coupent les deux brins.

C FAUX Attention c'est la fonction polymérase qui va dans le sens : 5'→3'. La fonction exonucléasique va dans le sens 3'→5'.

D VRAI

E VRAI Le brin retardé est le brin discontinu. Nous retrouvons une synthèse rétrograde par des petits fragments d'une longueur de 1000 à 2000 nucléotides qui sont appelés fragments d'Okasaki.

Question 23 : DE

À propos de la réparation :

- A. La désamination la plus fréquente est celle de la guanine en xanthine.
- B. La proflavine et l'acridine orange sont des agents alkylants de l'ADN.
- C. Le système de réparation guidés par les groupements méthyles est constitué d'un complexe multi-enzymatique codé par les gènes Mut.
- D. Le syndrome du cancer colique familial est dû à une mutation constitutionnelle d'un des gènes du système MMR.
- E. Grâce au système de réparation par excision-réparation de bases (BER), la correction d'une dépyrimidation spontanée se réalise par la réparation d'un site AP.

A FAUX Il s'agit de celle de la cytosine en uracile.

B FAUX Ce sont des agents intercalants de l'ADN qui vont prendre la place des bases et non des agents alkylants. Comme agents alkylants nous pouvons retrouver l'éthylméthane-sulfate ou encore le diméthylsulfate.

C FAUX car on n'a pas précisé si c'était procaryote et eucaryote. Rassurez-vous Cohen ne fera pas ce genre de piège

D VRAI Il s'agit principalement de hMLH1 ou de HMSH2 qui sont mutés.

E VRAI On aura une excision de la base altérée par une ADN glycosylase spécifique. Elle réalise un clivage de la liaison N-glycosidique entre la base et le désoxyribose. Cela aboutit à un site AP temporaire qui sera réparé par l'action d'une endonucléase.

Question 24 : ACE

- A. Le 7-méthylguanine est une base mineure.
- B. L'ARNr est transcrit par l'ADN polymérase I.
- C. Chez E. Coli, la sous unité α de l'holoenzyme possède un rôle de liaison au promoteur.
- D. L' α -amanitine inhibe l'ARN polymérase procaryote.
- E. Dans la dyskératose congénitale, on retrouve une copie non fonctionnelle du gène qui code pour la télomérase.

A VRAI Tout comme l'hypoxanthine, le pseudo-uracile et le 4-tiouracile. Ce sont des dérivés de bases.

B FAUX Attention cette réaction donne un ARN c'est donc l'ARN polymérase I et non l'ADN polymérase I.

C VRAI Elle possède également un rôle dans l'assemblage de l'holoenzyme.

D FAUX Elle inhibe l'ARN polymérase eucaryote et non procaryote, en particulier l'ARN polymérase II. Elle provient des amanites phalloïdes.

E VRAI Dans cette pathologie on retrouve un raccourcissement prématuré de la longueur des télomères ce qui induit la mort par insuffisance progressive de la moelle osseuse ou à cause d'anomalies au niveau de l'épithélium.

Question 25 : ABD

À propos de la traduction :

- A. La théorie du Wobble indique qu'un ARNt avec un anticodon donné va être capable de reconnaître différents codons.
- B. La dégénérescence cellulaire du code génétique permet, entre autres, une économie cellulaire.
- C. L'ARN ribosomique 28S chez les Procaryotes porte l'activité peptidyl-transférase.
- D. Chez les Procaryotes c'est la séquence Shine-Dalgarno qui permet le recrutement de la petite sous-unité du ribosome.
- E. Les ARNm eucaryotes sont forcément polycistroniques.

A VRAI

B VRAI En effet un même ARNt peut reconnaître différents codons donc la cellule aura besoin d'en synthétiser un plus faible nombre pour réaliser la traduction. Cette dégénérescence permet également une dissociation plus rapide des ARNt et une protection contre les mutations.

C FAUX : L'ARN ribosomique 28S est retrouvé chez les eucaryotes et non chez les procaryotes. Son homologue procaryote, qui possède également cette fonction peptidyl-transférase, est l'ARN ribosomique 23S.

D VRAI Alors que chez les eucaryotes c'est la coiffe qui permet le recrutement de protéines spécifiques de la traduction qui vont initier le recrutement de la petite sous-unité du ribosome.

E FAUX Ils sont forcément monocistroniques. En effet l'ARNm eucaryote possède une seule coiffe, celle-ci étant le lieu de fixation de la petite sous-unité du ribosome. Donc s'il y avait d'autres séquences cistroniques au niveau de l'ARNm elle ne pourrait pas être traduite car on ne pourrait pas avoir de recrutement d'une autre petite sous-unité du ribosome (comme on n'a pas de coiffe avant chaque séquence cistronique). L'ARNm procaryote est, quant à lui, polycistronique.

Question 26 : E

À propos de la traduction :

- A. Le 5' amino-acyl-adénylate est une molécule indispensable pour permettre la liaison ionique de l'acide aminé sur l'ARNt.
- B. Les facteurs d'élongation de la traduction sont sous forme active lorsqu'ils sont liés au GDP.
- C. Le polyribosome qui permet une accélération de la synthèse protéique est présent uniquement chez les procaryotes.
- D. Si la concentration intracellulaire de fer est élevée, l'aconitase se fixe sur la séquence 5'-UTR de l'ADN codant pour la ferritine.
- E. Le phénomène de poly-ubiquitination intervient dans la dégradation des protéines.

A FAUX Attention il ne s'agit pas d'une liaison ionique mais d'une liaison covalente. En effet, l'acide aminé va être lié par estérification à un résidu adénine en 3' de l'ARNt.

B FAUX Les facteurs d'élongation de la traduction appartiennent à la famille des protéines G et permettent une synthèse polypeptidique sur une longue distance. Ils sont sous forme active lorsqu'ils sont liés au GTP et sous forme inactive quand ils sont liés au GDP.

C FAUX Ceci est valable autant pour les procaryotes que pour les eucaryotes. Un ARNm peut être lu par différents ribosomes en même temps, chacun produisant une copie de la protéine codée. C'est cet ensemble de ribosomes sur un même ARNm qu'on nomme polyribosome ou polysome.

D FAUX La fixation de l'aconitase sur la 5'-UTR de la ferritine entraîne un encombrement stérique de la 5'-UTR ce qui empêche la traduction. En effet, cela bloque le déplacement de la petite sous-unité du ribosome. Donc si la concentration intracellulaire de fer est élevée on aura besoin de plus de ferritine pour stocker le fer. Or si l'aconitase est présente on n'aura pas de traduction donc pas de ferritine. L'aconitase est donc présente quand la concentration intracellulaire de fer est faible (car on n'a pas besoin de beaucoup de ferritine).

E VRAI Pour qu'une protéine aille dans le protéasome, qui est le système de dégradation des protéines, il faut qu'elle soit ubiquitinylée. Des chaînes d'ubiquitine vont venir se fixer à la protéine ce qui sert de signal et l'envoie dans le protéasome.

Question 27 : B

- A. 6 introns
- B. 7 introns
- C. 8 introns
- D. 9 introns
- E. Il y a un exon non codant.

Les introns sont des parties du gène qui seront toujours transcrites mais jamais traduites. Ils sont enlevés lors de l'épissage de l'ARN pré-messager. Ici, il n'y avait pas d'exon entièrement non codant puisque le premier exon contient la 5'UTR et une partie codante et que le dernier exon est codant. On ne peut donc pas parler d'« exon non codant » (puisque'ils ont tous au moins une partie codante). On a donc 8 exons et 7 introns. (à savoir pour aller + vite : il y a toujours un intron de moins que le nombre d'exon) **E FAUX**

Réponse vraie : **B**

Question 28 : C

- A. 296 064 bases.
- B. 295 894 bases.
- C. 295 725 bases.
- D. 2 150 bases.
- E. 6 458 bases.

Le transcrit primaire correspond à l'ARN non épissé. Il contient donc tous les exons et tous les introns. Pour trouver son nombre de paires de bases, on cherche le début de la transcription dans l'ADNg (qui correspond au début de l'ADNc) et la fin de la transcription dans l'ADNg (qui correspond à la fin de l'ADNc) et on fait la soustraction. Ici on avait $295\,895 - 170 = 295\,725$.

A Faux Cela correspond à la longueur de l'ADNg, il n'y a pas eu de transcription.

B FAUX Ici on a pris la longueur de l'ADNg sans la partie après le dernier exon, ce qui n'est pas complet. Il y a encore la partie en 5' avant le premier exon qui est en trop.

C VRAI Voir paragraphe ci-dessus.

D FAUX Cela correspond à la longueur de l'ADNc sans la partie non codante à la fin, il manque donc cette partie et les introns.

E FAUX Cela correspond à la longueur de l'ADNc, qui provient de la rétrotranscription de l'ARN épissé, ce n'est donc pas le transcrit primaire.

Question 29 : B

- A. Cette séquence comporte 2 sites accepteurs forts.
- B. Cette séquence comporte 5 sites accepteurs forts.
- C. Cette séquence comporte 7 sites accepteurs forts.
- D. GTA est le site accepteur le plus répandu.
- E. Le site donneur le plus fort est CAG.

A FAUX voir item B.

B VRAI Un site accepteur fort correspond à CAG. Ici on a 7 sites accepteurs AG (car 7 introns, un site accepteur et un site donneur dans chaque intron) mais seulement 5 forts (=CAG). Les 2 autres, TAG, sont faibles.

C FAUX voir item B.

D FAUX GT est un site donneur. Dans le cours, il n'est pas spécifié que GTA serait plus répandu que GTG, GTT ou GTC.

E FAUX CAG est un site **accepteur**. Attention à bien lire et à ne pas mélanger. En début d'intron on a le site donneur GT et en fin d'intron on a le site accepteur AG.

Question 30 : CE

- A. On peut observer la boîte TATA en amont du +1 de la traduction dans la séquence 1.
- B. Le récepteur final fait 596 acides aminés.
- C. Le début de la transcription se trouve au nucléotide 171 de la séquence 2.
- D. La 5'UTR fait 4 308 nucléotides (à 10 nucléotides près).
- E. La 3'UTR fait 4 308 nucléotides (à 10 nucléotides près).

A FAUX La boîte TATA a un rôle dans la régulation de la transcription en étant avant le début de celle-ci, elle ne va pas être transcrite et donc pas être dans l'ADNc (qui correspond à la séquence 1).

B FAUX Ici il fait 595 acides aminés, on ne compte pas le codon stop dans la longueur de la protéine, il faut toujours faire attention au cas où le codon stop ait été compté comme ici, mais ce ne sera pas un acide aminé du récepteur final.

C VRAI C'est vrai, on voit d'après l'ADNc que c'est le début du premier exon, donc le début de la transcription.

D FAUX La 5'UTR fait 362 nucléotides, c'est la partie non codante du premier exon (début de l'ADNc, les nucléotides qui ne codent pas pour des acides aminés). C'est elle et la 3'UTR qui régulent la traduction.

E VRAI La 3'UTR correspond à la partie non codante du dernier exon (fin de l'ADNc, les nucléotides qui ne codent pas pour des acides aminés). On fait 6458-2150 (qui correspondent aux bases de la 5'UTR et codantes) ce qui nous donne 4308 nucléotides.

Question 31 : ABC

- A. L'exon 7.
- B. Les exons 2 et 3.
- C. Les exons 4 et 5.
- D. Les exons 5 et 6.
- E. L'intron 2.

Ici, pour les exons, il faut regarder le dernier nucléotide de l'exon avant celui qui est délété et le premier nucléotide de l'exon après celui qui est délété. Si on forme un codon de 3 nucléotides (un +1 et un +2

qui se suivent par exemple), on n'aura pas de décalage du cadre de lecture. Ici, je considère que +1 est le premier nucléotide d'un codon, +2 le deuxième et +3 le troisième.

A VRAI L'exon 6 se termine sur le premier nucléotide d'un codon et l'exon 8 commence par le troisième nucléotide d'un codon. Le +1 et le +3 ne se suivent pas, on a 2 nucléotides au lieu de 3, on aura donc un décalage du cadre de lecture.

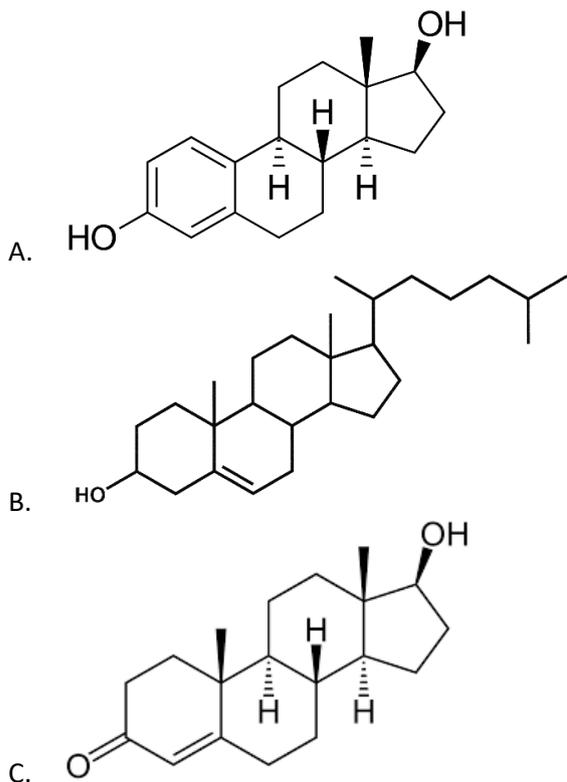
B VRAI L'exon 1 se termine sur un +2 et l'exon 4 (car on a délété 2 exons) sur un +2 aussi. On a 4 nucléotides au lieu de 3, donc décalage du cadre de lecture.

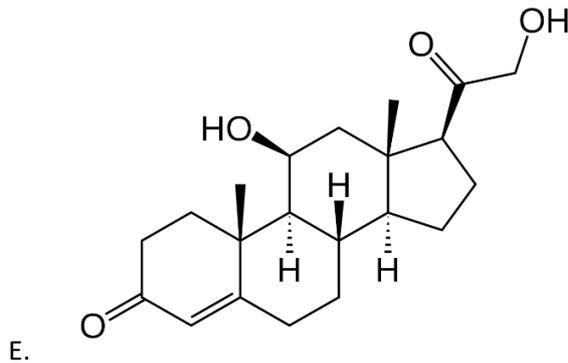
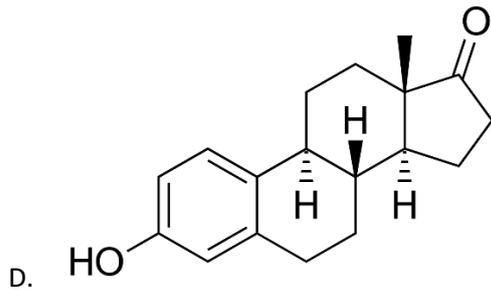
C VRAI L'exon 3 se termine sur un +1 et l'exon 6 débute par un +3. On aura 2 nucléotides au lieu de 3 donc décalage du cadre de lecture. Attention dans l'exon 3, il y a deux GT assez proche à la fin de l'exon mais on voit que le premier code pour un acide aminé donc ça ne peut pas être lui.

D FAUX L'exon 4 se termine par un +1 et l'exon 7 commence par un +2, on a donc bien une suite et 3 nucléotides dans notre codon : pas de décalage du cadre de lecture.

E FAUX Une délétion d'intron n'entraîne pas de décalage du cadre de lecture car il n'est jamais traduit !!

Question 32 : A





On a ici un récepteur aux œstrogènes, ces ligands sont donc les œstrogènes. Ici, on a dans les propositions de l'estradiol (A) et de l'estrone (D). Ce sont les deux seuls ligands possibles.

A VRAI

B FAUX Le cholestérol n'est pas un œstrogène (ce n'est même pas un stéroïde), il est seulement le précurseur des stéroïdes.

C FAUX La testostérone est un androgène, pas un œstrogène.

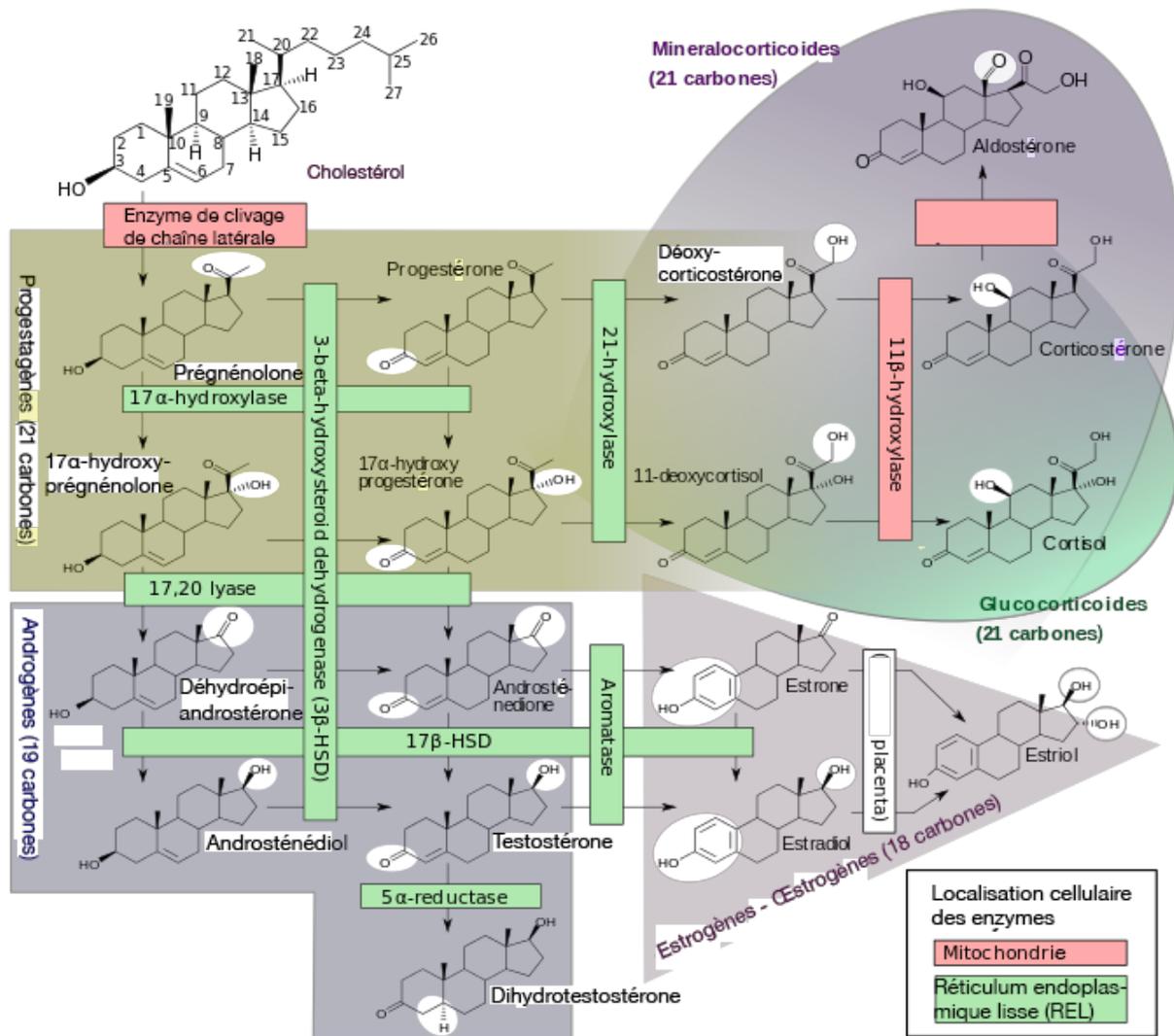
D FAUX l'estrone est inactive, elle ne peut pas fixer le récepteur.

E FAUX La corticostérone est un minéralocorticoïde, très loin des œstrogènes.

Question 33 : ABCE

- A. Dans la question précédente, l'item E correspond à la corticostérone.
- B. Tous les stéroïdes actifs peuvent être formés à partir de la progestérone.
- C. Lors de la formation des androgènes à partir de la prégénolone, on perd deux carbones.
- D. On peut former des œstrogènes à partir de la dihydrotestostérone.
- E. Un déficit en 17 β -HSD entraînerait un phénotype féminin à la naissance chez un individu XY.

A VRAI Molécule à connaître ou à savoir retrouver à partir du gros schéma à la fin du cours du tut qui récapitule tous les stéroïdes et leurs transformations expliqués dans le cours de Morel (il y a quelques trucs en plus dont il n'a pas parlé comme la formation d'estriol par le placenta qui n'est pas à savoir) :



B VRAI Les stéroïdes actifs (qui ont donc une action) sont : cortisone, aldostérone, œstrogènes, testostérone et dihydrotestostérone. Quand on regarde le schéma, il y a différents « trajets » possible. On peut former tous les stéroïdes actifs avec la progesterone.

C VRAI La prégénolone fait partie des progestagènes (nom pas à savoir mais le groupe jaune sur le schéma) qui sont constitués de 21 carbones. Les androgènes sont eux constitués de 19 carbones (nombre de carbones de chaque groupe à savoir !! Cela vous aide à retrouver les molécules plus facilement, ou vous aide à déterminer quelle molécule vous observez (par exemple à la question précédente)).

D FAUX Non, la dihydrotestostérone est un stéroïde qu'on ne peut plus retransformer. On ne peut pas revenir à la testostérone, donc on ne peut pas former d'œstrogène avec.

E VRAI La 17β-HSD permet la formation de la testostérone et de la dihydrotestostérone, qui permet d'avoir un phénotype masculin. Sans ça, le phénotype est par défaut féminin chez un individu XY.

Question 34 : CD

- A. TTCCACCTACAG
- B. CATGCCTTTGTTA

- C. TAACAAAGGCATG
- D. CTCCTCCACGGAT
- E. ATCCGTGGAGGAG

On cherche à amplifier un fragment de 133 nucléotides au niveau de la mutation. Les amorces sont donc incluses dedans. Il y a une amorce sens qui va 5'→3' qui sera en amont de la mutation (qu'on peut lire directement dans la séquence) et une amorce anti-sens qui va 3'→5' en aval de la mutation, qui sera donc complémentaire et anti-parallèle à notre séquence.

A FAUX Cette amorce est une amorce intronique qu'on peut retrouver dans l'intron juste en amont de notre fragment à amplifier. Comme on effectue une RT-PCR, notre ARNmessenger ne contient pas d'intron et on ne peut alors utiliser que des séquences **exoniques**.

B FAUX C'est la séquence complémentaire et antiparallèle de notre amorce sens. Cette séquence est celle de l'ADN qui va être amplifié.

C VRAI C'est l'amorce sens. On peut la lire telle quelle dans la séquence.

D VRAI C'est l'amorce anti-sens. Elle est anti-parallèle et complémentaire à notre ADN en aval de la mutation, c'est-à-dire « ATCCGTGGAGGAG ».

E FAUX Cette amorce n'est pas possible ici car on séquencerait dans « le mauvais sens ». On n'irait pas vers la mutation.

Question 35 : AD

- A. Ici, on cherche à détecter un SNV particulier.
- B. Cette méthode est rapide.
- C. Dans le séquençage de Sanger, les ddNTP permettent la polymérisation de la séquence cible.
- D. Comme la mutation est au milieu d'un exon, il aurait été plus simple d'étudier directement l'ADNg.
- E. Si on avait utilisé une puce à ADN pour séquencer, 1 cluster aurait correspondu à un ensemble de séquences d'un même chromosome.

A VRAI Il n'y a qu'un seul nucléotide qui est modifié, vous le trouvez dans la question suivante mais vous pouviez le supposer ++ puisque la mutation n'entraîne pas de décalage du cadre de lecture (donc délétion/insertion très peu probable) et transformé un Y en N est forcément dû à un seul nucléotide (ils en ont deux en commun).

B FAUX Cette méthode est plutôt longue, elle peut prendre jusqu'à 2 jours.

C FAUX Les ddNTP permettent de stopper la polymérisation et de déterminer le nucléotide à la position où ils se trouvent **DANS LA METHODE DE SANGER**. C'est les dNTP qui servent à polymériser notre fragment. Il est possible dans une autre méthode de séquençage de n'utiliser **que** des ddNTPs pour polymériser et séquencer en même temps mais ici on ne parle que de la méthode de Sanger.

D VRAI On étudie l'ADNc plutôt pour voir l'impact des mutations au niveau des jonctions exoniques en général. L'ADNg étant plus simple à obtenir (juste besoin d'une prise de sang), ici il aurait été plus simple de l'étudier directement. L'ADNc vient d'un ARN qu'on doit prélever là où il se trouve ce qui peut être plus compliqué.

E FAUX 1 cluster = 1 séquence d'ADN amplifiée. On a plein de cluster sur une puce à ADN.

Question 36 : C

- A. Cette mutation est sûrement une délétion.
- B. Cette mutation est sûrement une insertion.
- C. Cette mutation change un nucléotide T en A.
- D. La modification porte sur le troisième nucléotide du codon.
- E. La modification d'acide aminé ne modifie pas la charge globale de la protéine à un pH proche de 14.

La seule façon de former une asparagine à partir de la tyrosine est de transformer le codon TAT (observable dans la séquence) en AAT. On a une mutation de T en A. De plus, dans le cas d'une insertion ou une délétion qui ne soit pas d'un multiple de 3, on a le plus souvent création d'un codon stop précoce. Comme ce n'est pas le cas ici (pas de * ou de fs dans la nomenclature de la mutation) et que de toute manière, une insertion d'un nucléotide ou la délétion d'un nucléotide n'aurait pas transformer « TAT » en « AAT » (en regardant la suite de la séquence), on peut imaginer très fortement que la mutation est plutôt une mutation ponctuelle d'un nucléotide.

A FAUX Voir explication ci-dessus.

B FAUX Voir explication ci-dessus.

C VRAI D'après l'explication ci-dessus, on a bien transformation d'un T en A.

D FAUX Le nucléotide muté est le premier du codon.

E FAUX On passe de la tyrosine qui a une charge de -2 à partir de pH=10,1 à une asparagine ayant une charge de -1 à ce même pH. On pouvait s'aider du tableau donné pour les peptides mais également faire sans : la tyrosine à une chaîne latérale ionisable (OH) qui va rajouter une charge négative quand on se trouve en milieu basique, même sans connaître les pKa on peut déterminer que vers 14, on sera à -2 et toujours à -1 pour l'asparagine qui a une chaîne latérale non ionisable. La charge globale de la protéine va donc changer d'une charge.

Question 37 : B

- A. Deux doigts de zinc sont codés par le même exon.
- B. Le doigt de zinc qui lie l'ADN est codé par l'exon 2.
- C. Le doigt de zinc qui permet la dimérisation est codé par l'exon 2.
- D. Les acides aminés E, G et K stabilisent la dimérisation.
- E. L'auto-activation du récepteur entraîne une suppression du LBD.

!!!! La localisation des doigts de Zinc sur les exons était une affaire de logique : on vous dit que le domaine fonctionnel de la protéine se trouve au niveau des AA 180 à 263, et vous regardez à quels exons ceci correspond pour en déduire l'emplacement du doigt de Zinc liant l'ADN et celui permettant la dimérisation. <3 **!!!!**

A FAUX Deux doigts de zinc sont codés par deux exons différents ! Cette notion est très importante à comprendre et à bien assimiler !!!

B VRAI Effectivement, dans le cours, le Pr. Morel dit que le premier doigt de zinc lie l'ADN et ce premier doigt de zinc se trouve dans le deuxième exon.

C FAUX Le deuxième doigt de zinc permet la dimérisation et celui-ci se trouve dans le troisième exon (juste après le premier doigt de Zinc).

D FAUX Ils facilitent la liaison à l'ADN. Ce qu'il faut retenir sur les doigts de zinc, leur dimérisation et leur liaison à l'ADN :

- Les acides aminés entre les deux dernières cystéines du premier doigt de zinc permettent la liaison à l'ADN (c'est eux qui lient l'ADN). Ces AA dépendent de la protéine, **il n'y a pas d'enchaînement à connaître**.
- Les acides aminés entre les deux premières cystéines du deuxième doigt de zinc stabilisent la dimérisation. Pareil, ils dépendent de la protéine, **pas d'enchaînement à connaître**.

E FAUX Le LBD est toujours présent, on n'a juste plus besoin de ligand pour activer notre récepteur, il s'active et va se lier à l'ADN comme il veut et quand il veut. C'est ce qui va entraîner le cancer car le fonctionnement est alors anarchique → division non contrôlée des cellules.

Question 38 : DE

- A. Une auto-activation du récepteur devrait augmenter l'efficacité du traitement.
- B. Ce traitement devrait avoir un bon impact sur la survie de patientes comme ses tantes maternelles.
- C. Ce traitement permet d'empêcher la formation de tous les stéroïdes.
- D. L'aromatase est aussi appelée CYP19.
- E. Si elles ont cette mutation, on n'a aucun intérêt de traiter les patientes de cette façon.

A FAUX L'auto-activation du récepteur veut dire qu'il n'a plus besoin qu'un ligand l'active pour fonctionner et se lier à l'ADN comme dit avant. Du coup, le traitement (qui inhibe le ligand) n'a pas d'impact sur la maladie.

B FAUX Les tantes de Lucile sont malades et possèdent la mutation Y537N. L'inhibiteur de l'aromatase va empêcher la formation des œstrogènes. Cela peut être intéressant si la mutation n'impacte pas la liaison au ligand. Ici, la liaison au ligand n'est plus nécessaire pour activer le récepteur aux œstrogènes, on n'a donc aucun intérêt à empêcher la formation des œstrogènes, cela n'influencera pas le cancer des tantes de Lucile.

C FAUX Il empêche la formation des œstrogènes et **pas** de tous les stéroïdes. On joue sur les mots mais il faut s'attendre à tout le jour J, surtout pour le problème de MOMO (<3), donc veuillez bien à lire tous les énoncés ! ;)

D VRAI Vrai, c'est du cours (désolée du cours pas forcément intéressant mais les noms abrégés des enzymes sont à savoir).

E VRAI L'inhibiteur de l'aromatase va empêcher la formation des œstrogènes. Cela peut être intéressant si la mutation n'impacte pas la liaison au ligand. Ici, la liaison au ligand n'est plus nécessaire pour activer le récepteur aux œstrogènes, on n'a donc aucun intérêt à empêcher la formation des œstrogènes, cela n'influencera pas le cancer de notre patiente.

PS : il faut bien assimiler le tableau des stéroïdes pour pouvoir relier les notions entre elles comme on fait ici. Retenir bêtement le tableau peut vous aider dans certaines questions de cours, mais il n'y a que la compréhension qui vous permettra de tout casser en BioMol (Métabo&Stéroïdes ++++). COURAGE !

Question 39 : BC

- A. Cette mutation peut sûrement entraîner un problème d'épissage.
- B. La mutation Y537N doit probablement se trouver dans le LBD.
- C. Le récepteur aux œstrogènes est un récepteur nucléaire.
- D. Si Lucile est malade, elle aura 50 à 70% de risque d'avoir cette mutation.
- E. Si Lucile n'a pas cette mutation, elle n'aura jamais le cancer du sein

A FAUX Cette mutation se trouve au sein d'un exon et ne crée pas de site accepteur ou donneur cryptique, donc probablement pas. Ce sont plutôt les mutations introniques proches des sites donneurs et accepteurs qui vont entraîner des problèmes d'épissage.

B VRAI En effet, c'est une mutation activatrice qui rend inutile la liaison du récepteur au ligand, on en déduit donc que c'est la structure du LBD qui change de sorte à ce que le récepteur puisse s'auto-activer.

C VRAI C'est dans le cours. De plus, on a vu qu'il avait un DBD et un LBD donc c'est un RN.

D FAUX Dans l'énoncé plus haut, juste avant la question 35, on dit qu'il y a 0 à 2% de risques d'avoir un récepteur aux œstrogènes muté dans un cancer du sein, on s'imagine bien que des valeurs aussi élevées sont peu probables.

E FAUX Il y a beaucoup d'autres mutations qui peuvent malheureusement entraîner l'apparition d'un cancer du sein, ce n'est pas la seule mutation existante.

Question 40 : AD

- A. Ce glucide contient un glucuronate et compose la base de substance du milieu où se trouve les cellules.
- B. Ce glucide entre dans la composition de l'Agrécane.
- C. Ce glucide est un peptidoglycane.
- D. Les peptidoglycans possèdent des ponts peptidiques dans leur structure.
- E. Ce glucide est un polymère simple et présente une o-sulfatation.

La figure représente l'acide hyaluronique.

A VRAI L'acide hyaluronique est composé de glucuronate et de N-acétylglucosamine.

B FAUX L'Agrécane est composé d'un mélange de chondroïtine sulfate et de kératane sulfate.

C FAUX C'est un protéoglycane.

D VRAI

E FAUX Pour l'acide hyaluronique, il y a absence de O-sulfatation.

Question 41 : ACE

- A. Pour un hémikétal intramoléculaire, le pyranose forme un noyau à 6 sommets.
- B. Le lactose est hydrolysé par la lactase intestinale et est composé de galactose et de fructose.

- C. La maladie de Hunter est due à une accumulation d'héparine sulfate et de dermatane sulfate dans les tissus.
- D. Le glycogène est présent dans le foie et les muscles mais seul le glycogène présent dans les muscles permet de libérer du glucose dans le sang.
- E. Les épimères diffèrent seulement d'un seul carbone asymétrique.

A VRAI

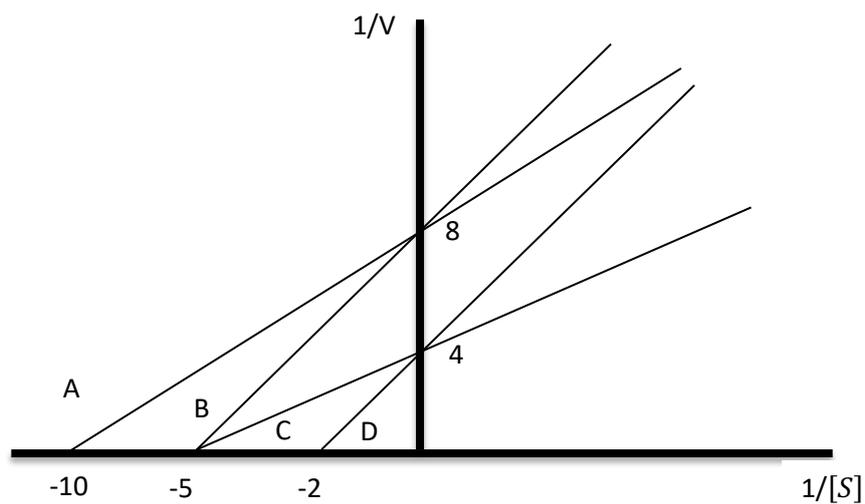
B FAUX Le lactose est composé de galactose et de glucose.

C VRAI C'est du cours.

D FAUX Seul le glycogène présent dans le foie permet de faire du sucre.

E VRAI

Cette figure permet de répondre aux questions 40 et 41



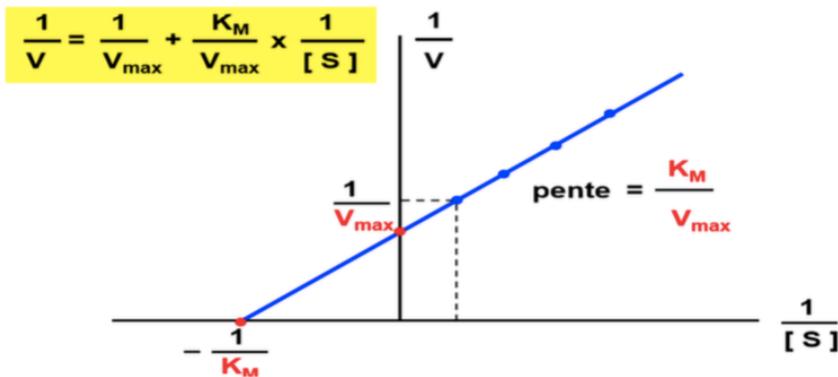
On donne une enzyme SIRÈNE dont le $K_m = 0,2$ USI.

Question 42 : BE

Concernant la courbe B, quelle est ou quelles sont la ou les réponse(s) vraie(s) ?

- A. $K_m = -5$
- B. Pente = 1,6
- C. $V = -16$
- D. L'enzyme A est un inhibiteur compétitif de B.
- E. L'enzyme B pourrait être l'enzyme SIRÈNE.

Pour rappel :

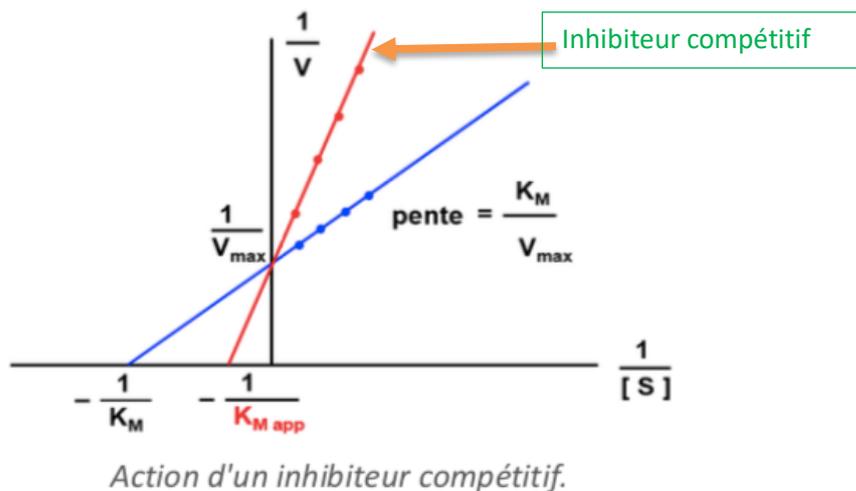


A FAUX - 5 correspond à $\frac{-1}{K_M}$. Le K_M de B est égal à $\frac{-1}{-5} = 0,2$.

B VRAI pente = $\frac{K_M}{V_{max}} = \frac{-1}{\frac{1}{8}} = \frac{8}{5} = 1,6$

C FAUX $\frac{1}{V} = \frac{1}{v_{max}} + \frac{K_M}{v_{max}} \times \frac{1}{[S]} = 8 + \frac{8}{5} \times \frac{1}{-5} = 192/25$. ATTENTION on veut V et non pas $\frac{1}{V}$. $V = \frac{25}{192}$

D FAUX C'est B qui est un inhibiteur compétitif de A.



E VRAI On a calculer le K_M de B qui est égal à 0,2. On nous dit que le K_M de SIRÈNE est de 0,2. L'enzyme B pourrait donc être cette enzyme.

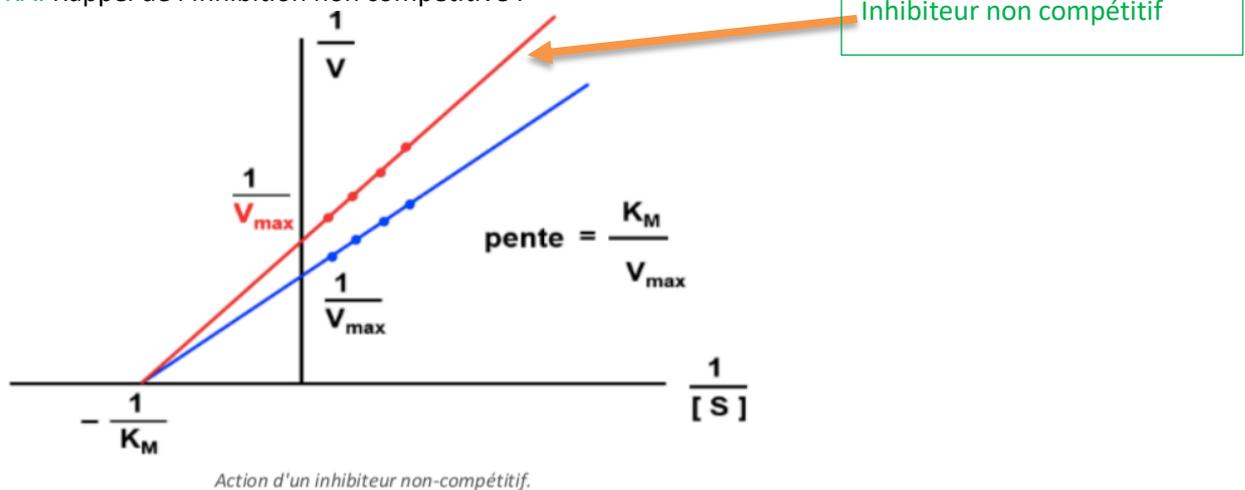
Question 43 : BCE

- Le K_M de C est plus grand que le K_M de D. C a donc une plus grande affinité pour le substrat que D.
- L'enzyme A n'est pas un inhibiteur.
- C est inhibé par B de manière non compétitive.
- Si $[S] = 2$ USI et $V = 6$ USI alors $K_M = 4$ USI et $V_{max} = 12$ USI.
- L'enzyme B représente 2 inhibiteurs réversibles de différents types.

A FAUX $K_m(C)=0,2$ et $K_m(D)=0,5$ donc le K_m de D est plus grand que le K_m de C, cependant K_m et affinité évoluent en sens inverse donc l'affinité de C est bien plus grande que l'affinité de D.

B VRAI L'enzyme B est un inhibiteur compétitif de l'enzyme A mais l'enzyme A, du moins sur notre figure, n'est l'inhibitrice d'aucune autre enzyme.

C VRAI Rappel de l'inhibition non compétitive :



D FAUX Le K_m est la concentration du substrat pour laquelle la vitesse est égale à la moitié de la vitesse maximale. Donc si $[S] = 2$ pour une vitesse de 6 et que $V_{max} = 12$ (donc la vitesse est bien la moitié de V_{max}) le K_m devrait être égal à la concentration en substrat donc $K_m = 2$.

E VRAI L'enzyme B est à la fois un inhibiteur compétitif de A (voir item D question précédente) et un inhibiteur non compétitif de C (voir item C). Ces inhibitions sont bien réversibles.

Question 44 : BDE

- La glycolyse ne peut se dérouler que dans le cytosol des cellules du foie et parfois du rein.
- La deuxième étape irréversible de la glycolyse a entre autres pour but de capter le glucose à l'intérieur de la cellule grâce notamment au gradient sang/cellule du glucose.
- Le galactose est clivé dans le tube digestif en saccharose et glucose. Le saccharose, lui, est clivé dans le colon plus particulièrement en fructose et glucose.
- À distance des repas, l'hexokinase IV, qui est totalement spécifique du glucose, est moins efficace que les autres hexokinases.
- GLUT2 est le transporteur du glucose dans le foie. Il a une affinité plus faible pour le glucose que les autres transporteurs.

A FAUX La glycolyse se déroule bien uniquement dans le cytosol des cellules mais est aussi ubiquitaire, c'est-à-dire qu'elle peut être réalisée par toutes les cellules de tous les tissus du corps. C'est la néoglucogénèse qui se déroule uniquement dans les cellules du foie et parfois du rein.

B VRAI La deuxième étape irréversible de la glycolyse est la phosphorylation du fructose-6-P en fructose-1,6-bisP. Le fait que cette réaction soit irréversible signifie qu'il n'y a plus de retour possible vers le glucose, celui-ci diminue donc en concentration dans la cellule. Cette dernière va donc augmenter son signal pour capter du glucose provenant du sang grâce au gradient sang/cellule (il y a alors plus de glucose dans le sang que dans la cellule). Un autre but de cette étape est de créer un composé à 6 carbones facilement clivable en 2 composés de 3 carbones.

C FAUX C'est le saccharose (sucre de table) qui est clivé dans le tube digestif, sans autre précision quant à la localisation précise de ce clivage. Il est clivé en fructose et glucose qui peuvent tous les deux rentrer dans la glycolyse.

D VRAI L'hexokinase IV est aussi appelée glucokinase, elle est exprimée seulement dans les hépatocytes et les cellules bêta des îlots pancréatiques. Son action sera importante en postprandial (après les repas) car le glucose est en très grande concentration dans le sang. En revanche, à distance des repas, la concentration sanguine du glucose étant beaucoup plus faible, ce sont les hexokinases I, II et III qui agissent de manière plus importante. Elles agissent dans tous les tissus de l'organisme. La captation du glucose à distance des repas est donc ubiquitaire.

E VRAI Il a un K_m relativement élevé par rapport aux K_m des autres transporteurs du glucose ($K_m = 15-20 \text{ mM}$), il a donc une affinité plus faible pour le glucose.

Question 45 : D

- A. L'ATP est l'une des molécules les plus énergétiques de l'organisme, c'est pourquoi son stockage est important et permet des apports longs et prolongés.
- B. Si la charge énergétique est faible, les voies formatrices de l'ATP sont inhibées et les voies utilisatrices sont activées.
- C. La glycolyse consomme plus d'ATP qu'elle n'en forme.
- D. S'il y a beaucoup d'ATP présents dans la cellule, la voie de la glycolyse est bloquée par l'inactivation de l'enzyme PFK1.
- E. 3 ATP sont produites directement par le cycle de Krebs.

A FAUX L'ATP N'EST JAMAIS STOCKÉ !! il est continuellement formé et consommé ce qui fait de lui un donneur immédiat d'énergie libre. Les molécules les plus énergétiques de l'organisme sont les lipides (cf. cours sur le métabolisme lipidique).

B FAUX C'est l'inverse ! Quand la charge énergétique est faible cela signifie que l'ATP est plus consommée (donc transformée en ADP ou AMP) que formée. Les voies formatrices sont donc activées et les voies utilisatrices inhibées.

C FAUX Dans la glycolyse, 2 ATP sont consommés et 2 sont formés au final. Cela fait de la glycolyse une faible productrice d'énergie.

D VRAI S'il y a beaucoup d'ATP présent dans la cellule, cela signifie que la charge énergétique est élevée. La cellule activera donc des mécanismes en faveur de la consommation d'ATP et de la diminution de production d'énergie. La voie de la glycolyse résultant en produisant des composés susceptibles de donner de l'énergie, certaines de ses étapes vont donc être inhibées. Comme la phosphorylation du fructose-6-P en fructose-1,6-bisP par la PFK1. La PFK1 est donc inhibée par l'ATP entre autres.

E FAUX Le cycle de Krebs ne produit pas directement de l'ATP mais produit des composés riches en énergie qui vont être utilisés dans la chaîne respiratoire de la cellule qui participe à la formation d'ATP.

Question 46 : ABCDE

Concernant l'oxaloacétate :

- A. Il est créé suite à l'oxydation du malate.
- B. Il peut donner indirectement des acides aminés détectables dans les UV.
- C. La pyruvate-carboxylase transforme directement le pyruvate en oxaloacétate par la consommation d'une molécule d'ATP et d'une molécule d'eau.
- D. Il peut participer à l'initiation de la néoglucogenèse.
- E. Le malate peut sortir de la mitochondrie pour donner certaines bases azotées en passant notamment par l'aspartate.

A VRAI Grâce à la malate-déshydrogénase.

B VRAI L'oxaloacétate (OAA) peut donner du PEP en dehors de la mitochondrie qui peut donner à son tour des acides aminés tels que Cys, Gly, Ser, Phe, Tyr et Trp. Ces 3 derniers sont détectables dans les UV (*cf. cours acides aminés*).

C VRAI $\text{Pyruvate} + \text{ATP} + \text{H}_2\text{O} + \text{CO}_2 \rightarrow \text{OAA} + \text{Pi} + \text{ADP} + \text{H}^+$

D VRAI L'OAA peut donner du PEP en dehors de la mitochondrie. Le PEP est le point de départ de la néoglucogenèse et peut donc donner du glucose.

E VRAI Le malate sort de la mitochondrie et donne de l'OAA qui donne de l'aspartate, qui donne de l'asparagine, qui peut se transformer en bases pyrimidiques.