



# STAGE de PRE-RENTREE 2012 – UE1

## CORRECTION Doublants

### Chimie / Biochimie

#### QCM n°1 : d, e

- A. Faux : les neutrons n'ont pas de charge électrique à la différence des protons qui sont positifs et des électrons qui sont négatifs.
- B. Faux : c'est l'inverse, ils ont le même Z (donc ils portent le même nom) mais un A différent. C'est donc leur nombre de neutrons qui diffère car  $A=Z+N$ .
- C. Faux : c'est dans 12g de  $^{12}\text{C}$ .
- D. **Vrai** : le noyau détermine les propriétés physiques (radioactivité ...).
- E. **Vrai** : pour les atomes lourds, on a  $N>Z$ .

#### QCM n°2 : c

- A. Faux : on sait que  $M_{\text{O}} = 16$  et  $M_{\text{C}} = 12$  donc  $M_{\text{CO}_2} = 12 + 2 \times 16 = 44 \text{ g.mol}^{-1}$ .
- B. Faux : seul le  $^{14}\text{C}$  est radioactif.
- C. **Vrai** : l'isotope stable est le deutérium  $^2\text{H}$ .
- D. Faux : Soit  $x$  la proportion de  $^{79}\text{Br}$  et  $y$  celle de  $^{81}\text{Br}$ . On peut donc écrire :  $79x + 81y = 79,904$ . Or, il n'y a pas d'autres isotopes donc  $x + y = 1$  donc  $y = 1 - x$ . On le remplace dans l'équation précédente :  $79x + 81(1 - x) = 79,904$ . On obtient donc  $x = 0,548$ . Le  $^{81}\text{Br}$  représente donc  $y = 1 - x = 0,452 = 45\%$  !
- E. Faux : celle de l'électron est beaucoup plus petite (si bien qu'elle est souvent considérée comme négligeable face à la masse du noyau). Ils ont par contre la même charge électrique en valeur absolue.

#### QCM n°3 : a, c, d

- A. **Vrai**
- B. Faux : l'état fondamental est atteint lorsque tous les électrons sont à leur niveau d'énergie le plus bas.
- C. **Vrai** : si l'état initial était l'état fondamental, il passe alors à un état excité.
- D. **Vrai**
- E. Faux : c'est l'inverse (voir item D).

#### QCM n°4 : d

- A. Faux : c'est le nombre quantique magnétique. Le nombre quantique secondaire définit la sous-couche (forme de l'orbitale).

- B. Faux : cette orbitale est définie par  $n = 2, l = 0$  et  $m = 0$ .
- C. Faux : il s'agit de  $l$ .  $m$  est compris entre  $-l$  et  $+l$ .
- D. Vrai**
- E. Faux : il s'agit de la couche M.

### QCM n°5 : a

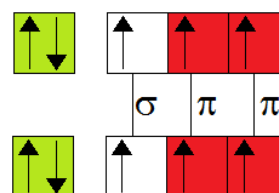
- A. **Vrai** : une orbitale (même  $n, l$  et  $m$ ) contient donc au maximum deux électrons de spin opposé ( $-\frac{1}{2}$  et  $+\frac{1}{2}$ ).
- B. Faux : c'est pour les atomes poly-électroniques (l'énergie de l'orbitale dépend alors de  $n$  et de  $l$ ).
- C. Faux : au contraire, il faut placer le maximum de spins parallèles avant de former des paires.
- D. Faux : il ne faut pas oublier les orbitales d donc la première et la 3d qui se remplit APRES la 4s. Le  ${}_{35}\text{Br}$  s'écrit donc :  $1s^2 2s^2 2p^6 3s^2 3p^6 4s^2 3d^{10} 4p^5$ .
- E. Faux : il s'agit d'une exception qui suit la règle de demi-saturation. Il s'écrit donc :  ${}_{36}[\text{Kr}] 5s^1 4d^5$ .

### QCM n°6 : a

- A. **Vrai** : à la différence de la liaison covalente pure où les deux atomes apportent chacun un électron.
- B. Faux : le néon est un gaz rare, stable qui ne se liera donc pas avec un autre atome.
- C. Faux : c'est un recouvrement latéral.
- D. Faux : l'azote est trivalent donc dans la molécule de diazote  $\text{N}_2$ , il y aura une liaison  $\sigma$  (formée en premier) et deux liaisons  $\pi$ .
- E. Faux : il y a bien 2 liaisons  $\pi$  car il y a 2 doubles liaisons mais il y a 16 liaisons  $\sigma$  (attention à ne pas oublier de compter les liaisons avec les hydrogènes qui ne sont pas représentées mais qui existent).

### QCM n°7 : b, d

- A. Faux : voici la représentation électronique de la liaison entre les deux azotes. Les liaisons  $\pi$  ne participent pas à l'hybridation donc les azotes sont hybridés sp.
- B. **Vrai** : il se situe à droite de l'azote dans la classification périodique.
- C. Faux : il y a 2 liaisons  $\sigma$  et 2 liaisons  $\pi$  (au sein des liaisons multiples, il y a toujours une seule liaison  $\sigma$ , le reste sont des liaisons  $\pi$ ).
- D. **Vrai** : l'azote central est hybridé sp donc les liaisons  $\sigma$  le reliant au N et à l'O sont coplanaires et forment un angle de  $180^\circ$ .
- E. Faux : une liaison covalente est une liaison forte, à la différence de la liaison hydrogène par exemple.



### QCM n°8 : a, d, e

- A. **Vrai** : l'oxygène est l'atome central,  $X_2$  car il y a 2 atomes liés (hydrogènes) et  $E_2$  car l'oxygène possède 2 doublets non liants. On en déduit donc la forme qui est tétraédrique.
- B. Faux : l'angle est de  $109^\circ 28'$ . Il est de  $120^\circ$  pour les dérivés éthyléniques.
- C. Faux : le recouvrement orbitalaire latéral est plus faible que le recouvrement axial.
- D. **Vrai** : elle permet le verrouillage de la structure spatiale de la molécule.
- E. **Vrai** : les axes des liaisons  $\pi$  sont perpendiculaires entre eux et à celui de la liaison  $\sigma$ .

### QCM n°9 : f

- A. Faux : ce sont des liaisons covalentes datives.

- B. Faux : leur niveau énergétique est différent ( $d\gamma$  a une énergie supérieure à  $d\epsilon$ ). L'écart entre ces deux niveaux d'énergie est noté  $\Delta E$ .
- C. Faux : à l'arrivée d'un ligand à champ fort,  $\Delta E$  est fort donc les électrons forment le maximum de paires au niveau  $d\epsilon$  de plus faible énergie.
- D. Faux : si  $x$  représente la charge du fer :  $+2 + x - 4 = 0$  donc  $x = +2$ . Le fer est donc sous forme  $Fe^{2+}$ .
- E. Faux : au contraire, elles sont masquées (les complexes sont donc utilisés en thérapeutique dans le cas d'intoxications aux métaux par exemple).

### QCM n°10 : b

- A. Faux : on numérote la chaîne principale afin que la fonction principale (ici la fonction cétone) ait le plus petit indice. Il s'agit donc du 4éthyl-5méthylhexan-3-one.
- B. **Vrai** : le brome est bien prioritaire sur le chlore.
- C. Faux : il s'agit du benzène.
- D. Faux : la chaîne principale est la plus longue comportant la fonction principale.
- E. Faux : il s'agit du néopentyl.

### QCM n°11 : a, b, e

- A. **Vrai**
- B. **Vrai** : elles sont identiques sauf le pouvoir rotatoire qui est bien une propriété physique.
- C. Faux : pas de lien de causalité.
- D. Faux : pas dans le cas des rotamères conformationnels.
- E. **Vrai**

### QCM n°12 : d

- A. Faux : elle est Z.
- B. Faux : pas de configuration car le  $C_3$  porte deux substituants de même priorité.
- C. Faux : configuration Z.
- D. **Vrai**
- E. Faux : configuration trans. On donne la nomenclature Z/E quand il y a une double liaison.

### QCM n°13 : b, c, d

- A. Faux : deux isomères ont la même formule brute. Or la molécule 1 est le  $C_6H_{12}$  alors que la molécule 2 est le  $C_6H_{14}$ .
- B. **Vrai** : ils ont pour formule brute  $C_6H_{14}$  et ce sont des isomères de squelette.
- C. **Vrai** : leur formule brute est  $C_6H_{12}$ , ce sont des isomères de fonction.
- D. **Vrai** : ils ont pour formule brute  $C_5H_{10}O_2$ . Il s'agit d'une isomérisation de fonction.
- E. Faux : la molécule 7 a pour formule brute  $C_5H_8O_2$ .

### QCM n°14 : e

### QCM n°15 : d

- A. Faux : ce sont les mêmes molécules.
- B. Faux : il s'agit de la même molécule.
- C. Faux : c'est bien la L-alanine parce que le  $NH_2$  est à gauche (left) ; cependant, ça n'a pas de lien avec le pouvoir rotatoire.
- D. **Vrai** : car il s'agit de la même molécule, elles auront donc le même pouvoir rotatoire.
- E. Faux : un mélange racémique est composé en quantité équimolaire de deux énantiomères.

QCM n°16 : a, c, d

- A. **Vrai**
- B. Faux : équatorial.
- C. **Vrai**
- D. **Vrai** : il y aura moins d'interactions avec les autres substituants si le groupement le plus volumineux (ici le tertibutyl) est en équatorial. Cette forme sera donc privilégiée.
- E. Faux : configuration S.

QCM n°17 d

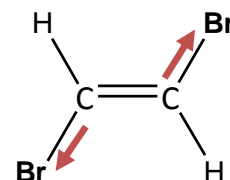
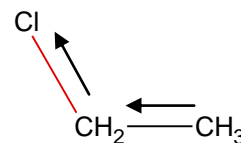
- A. Faux : leurs C<sub>3</sub> ont une configuration différente.
- B. Faux
- C. Faux : deux carbones asymétriques dont un seul qui change : relation de diastéréoisomérisation.
- D. **Vrai** : tautomères.
- E. Faux : 3 est plus stable que 4.

QCM n°18 : a, b, c, d, e

- A. **Vrai**
- B. **Vrai**
- C. **Vrai** : il s'agit des électrons  $\pi$  et p.
- D. **Vrai**
- E. **Vrai**

QCM n°19 : d

- A. Faux : les électrons  $\sigma$ .
- B. Faux : elles peuvent l'être sous l'influence d'une autre liaison.
- C. Faux : inversement proportionnelles.
- D. **Vrai**
- E. Faux : si les moments dipolaires sont de même intensité mais de directions opposés, le moment dipolaire global est nul.



QCM n°20 : a, b, c, d, e

- A. **Vrai**
- B. **Vrai**
- C. **Vrai** : cette réaction est l'addition électrophile.
- D. **Vrai**
- E. **Vrai**

QCM n°21 : b, d, e

- A. Faux : rupture seulement de la liaison  $\pi$ , pas de la liaison  $\sigma$ .
- B. **Vrai**
- C. Faux : elle n'est pas stéréospécifique si le substrat est un acide halogéné comme HBr ; elle est par contre stéréospécifique s'il s'agit d'un dihalogène du type Br<sub>2</sub>.

- D. **Vrai** : il y a plus d'effets inductifs donneurs au niveau du C<sub>2</sub> que du C<sub>1</sub>, les électrons sont donc repoussés vers le C<sub>1</sub> qui prend une charge partielle négative, sur lequel va donc se fixer le proton.
- E. **Vrai**

QCM n°22 : b, d

- A. Faux : de basse énergie
- B. **Vrai** : car elle passe par un carbocation plan.
- C. Faux : seulement s'il n'y a pas d'autres centres asymétriques.
- D. **Vrai**
- E. Faux : cette inversion aura lieu seulement si l'ordre de priorité du nouveau substituant est le même que celui de l'atome qui vient de partir.

QCM n°23 : a, b

- A. **Vrai** : le carbone est très encombré donc la réaction sera d'ordre 1.
- B. **Vrai** : car SN1.
- C. Faux : elle a lieu lors de la SN2.
- D. Faux : il n'y a pas de carbone asymétrique.
- E. Faux

QCM n°24 : a, b

- A. **Vrai**
- B. **Vrai**
- C. Faux : elle suit la règle de Saytzev (tout comme l'E2).
- D. Faux : haute énergie.
- E. Faux : une étape.

QCM n°25 : f

- A. Faux : il s'agit d'une addition nucléophile sur le carbonyle de l'aldéhyde.
- B. Faux : ne pas confondre avec l'amidification impossible avec un amine tertiaire.
- C. Faux : c'est une substitution nucléophile.
- D. Faux : il faut 2 molécules d'alcool, une pour former l'hémiacétal et l'autre pour former l'acétal.
- E. Faux : il s'agit du méthanol.

QCM n°26 : b, c

- A. Faux : il y a également des acides aminés non protéinogènes, ce sont des acides aminés modifiés après la traduction.
- B. **Vrai** : ils sont L, mais attention, pas lévogyres !!
- C. **Vrai** : il s'agit de l'AA isoleucine, et de la thréonine qui sont des AA essentiels. De plus, ils possèdent un carbone asymétrique sur leur chaîne latérale (d'où deux carbones asymétriques).
- D. Faux : attention à ne pas confondre la méthionine et la cystéine (ces 2 AA possèdent un atome soufre).
- E. Faux : l'arginine est un AA essentiel chez le nourrisson !

QCM n°27 : b, e

- A. Faux : c'est l'isoleucine

- B. **Vrai**
- C. Faux : elle a une fonction amine secondaire !!
- D. Faux : c'est le contraire.
- E. **Vrai** : ce sont des acides aminés ayant une chaîne latérale acide !

### QCM n°28 : b

- A. Faux : à  $\text{pH}=\text{pH}_i$ , la charge globale de l'acide aminé est de 0.
- B. **Vrai** : on a  $\text{pH}=\text{pK}_a + \log \left( \frac{[\text{COO}^-]}{[1-\text{COO}^-]} \right)$  et donc on arrive à  $10^{1,1} = \frac{[\text{COO}^-]}{[1-\text{COO}^-]}$  et on retrouve  $\frac{[\text{COO}^-]}{[\text{COO}^-] + [1-\text{COO}^-]} = 0,926$  soit la fonction est ionisée à 92,6%.
- C. Faux : il sera sous sa forme anionique.
- D. Faux : lorsque la solution a un pH inférieur à son  $\text{pH}_i$ .
- E. Faux : ils ont deux fonctions acides, et une fonction basique, donc leur charge varie de -2 à +1 selon le pH de la solution dans laquelle ils sont.

### QCM n°29 : a

- A. **Vrai** : l'isoleucine est plus hydrophobe que la lysine, donc l'isoleucine migrera plus vers le front du solvant faisant ainsi augmenter  $R_f$  ( $R_f = x/d$ ).
- B. Faux : c'est l'inverse.
- C. Faux : les acides aminés essentiels sont apportés par l'alimentation, on ne les synthétise pas.
- D. Faux : le BCA utilise les propriétés d'oxydo réduction des acides aminés.
- E. Faux : pas le réactif de Fehling, mais de Folin !

### QCM n°30 b, d, e

- A. Faux : dans ces conditions, les acides aminés sont chargés positivement, et migrent vers la cathode qui est chargée -.
- B. **Vrai** : à pH 14, la lysine est chargée négativement, et donc migre vers l'anode.
- C. Faux : à  $\text{pH} = \text{pH}_i$ , l'acide aminé est neutre.
- D. **Vrai** : dans ce cas, la sérine sera chargée + et migre vers la cathode.
- E. **Vrai** : V et A ne migreront pas, et resteront au même niveau. R ira vers la cathode (car AA chargé + à pH physiologique) et E qui est un AA acide migrera vers l'anode.

### QCM n°31 : c, e

- A. Faux : par ordre de  $\text{pH}_i$  croissant car on part à pH bas pour que les AA soient tous chargés positivement.
- B. Faux : la partie mobile est anionique.
- C. **Vrai** : la partie immobile (la résine) est cationique et la partie mobile est anionique.
- D. Faux : c'est dans la partie fixe.
- E. **Vrai**

### QCM n°32 : b, d

- A. Faux : c'est l'histidine qui donne de l'histamine.
- B. **Vrai** : cf cours.
- C. Faux : ce n'est pas le précurseur direct, il y a un intermédiaire !
- D. **Vrai** : également dans l'humeur et l'appétit.
- E. Faux : un des intermédiaires est la sérotonine, pas la sérine

### QCM n°33 : b, d, e

- A. Faux : l'adrénaline et l'épinéphrine sont deux noms pour la même molécule.
- B. **Vrai** : cf cours
- C. Faux : la L-Dopa franchit la barrière hémato encéphalique puis est transformée en dopamine. La dopamine ne franchit pas la BHE.
- D. **Vrai** :
- E. **Vrai** :

### QCM n°34 : a, d

- A. **Vrai** : avec par exemple 10 liaisons peptidiques qui lient 11 acides aminés, et le douzième AA, peut être lié au reste de la molécule par un pont disulfure.
- B. Faux : on ne saura pas s'il y avait du W (car dans ce cas il sera détruit) ; et si après hydrolyse acide, on obtient du D et du E, on ne saura pas s'ils étaient présents dans le peptide ou s'il ont été transformés à partir du N et du Q.
- C. Faux : le W est détruit par hydrolyse acide, on peut le doser par hydrolyse basique.
- D. **Vrai** : à savoir +++
- E. Faux : le W est détruit par hydrolyse acide, il n'est donc pas du tout un outil pour déterminer sa présence ou non. On peut par exemple utiliser la propriété d'absorbance à 280nm.

### QCM n°35 : b

- A. Faux :  $0,3\% = 0,3\text{g}/100\text{mL} = 3\text{g/L}$ ;  $55 \times 110 = 6050 \text{ Da}$  et  $3/6050 = 0,5 \text{ mM}$ .
- B. **Vrai** :  $5 \times 75 - 4 \times 18 = 303 \text{ Da}$ . Attention à ne pas oublier d'enlever les molécules d'eau !
- C. Faux : c'est la définition de la structure primaire.
- D. Faux : certaines protéines n'ont pas de structure quaternaire !
- E. Faux : on a 4 acides aminés différents : le tryptophane est détruit, le N est transformé en D. On a donc: l'isoleucine, l'arginine, le glutamate, et l'aspartate.

### QCM n°36 : a, c, e

- A. **Vrai** : cf cours
- B. Faux : le pas de l'hélice est de 0,54 nm (0,15nm est la longueur qu'occupe un résidu).
- C. **Vrai** :  $25 \times 0,15 = 3,75 \text{ nm}$
- D. Faux : elle est de sens gauche. On parle d'hélice de polyproline.
- E. **Vrai** : cf cours.

### QCM n°37 : b, d, e

- A. Faux : pas forcément de structure quaternaire. Attention à ne pas confondre les chaînes et les monomères qui sont reliés entre eux par des liaisons non covalentes.
- B. **Vrai** : cf cours
- C. Faux : un anticorps est monomérique, composé de quatre chaînes identiques deux à deux. Avec SDS, on aura un dépôt au niveau du PM de l'Ac, et avec le SDS et le  $\beta$ ME, on aura deux dépôts: un au niveau du PM des chaînes légères, et l'autre au niveau du PM des chaînes lourdes.
- D. **Vrai** : il y a trois chaînes et deux monomères. Dans un des deux monomères, il y a une seule chaîne, alors que dans l'autre on retrouve deux chaînes liées entre elles. Le SDS est dénaturant, et va détériorer les liaisons non covalentes entre les monomères ce qui va les séparer. On aura donc un dépôt au niveau de  $1 \times 100 = 100 \text{ kDa}$ , et l'autre à  $2 \times 100 = 200 \text{ kDa}$ .
- E. **Vrai** : cf cours.

QCM n°38 : a, d, e

- A. **Vrai** : cf cours
- B. Faux : W ne peut pas être phosphorylé. En revanche, la tyrosine (Y) est phosphorylable.
- C. Faux : il n'y a pas de séquence consensus pour la O-glycosylation. Pour la N-glycosylation, les séquences consensus sont: N-X-T et N-X-S
- D. **Vrai** : la méthionine est le premier AA à être incorporé, la protéine n'ayant subi aucune modification, la méthionine est toujours en Nter et sera clivée par l'aminopeptidase.
- E. **Vrai** : par cœur.

QCM n°39 : b, e

- A. Faux : c'est métabolisé en phénylalanine, ce qui est indiqué sur les boissons. Ceci pour prévenir les patients atteints de phénylcétonurie qu'ils ne doivent pas boire cette boisson.
- B. **Vrai** : c'est la particularité de ce tri peptide.
- C. Faux : l'insuline est monomérique, elle ne possède donc pas de structure quaternaire.
- D. Faux : le collagène est formé de 3 hélices gauches qui s'organisent en super hélice de pas droit.
- E. **Vrai** : cela modifie les propriétés électroniques de la protéine !

QCM n°40 : a, c, e

- A. **Vrai** :
- B. Faux : la série de l'ose ne change pas pendant l'interconversion.
- C. **Vrai**
- D. Faux : seul le C2 peut changer pendant l'interconversion des oses.
- E. **Vrai**

QCM n°41 : b, d, e

- A. Faux : aldohexose : le C1 porte le OH anomérique.
- B. **Vrai**
- C. Faux
- D. **Vrai**
- E. **Vrai**

QCM n°42 : b

- A. Faux : il n'y a pas de fonction réductrice libre dans le saccharose.
- B. **Vrai**
- C. Faux
- D. Faux : D-glucopyranosyl  $\alpha[1\rightarrow1]\beta$  D-fructofuranoside ou bien D-fructofuranosyl  $\beta[1\rightarrow1]\alpha$  D-glucopyranoside.
- E. Faux

QCM n°43 : b, c, d, e

- A. Faux : polymère de  $\beta$ -D-Fructose.
- B. **Vrai**
- C. **Vrai**
- D. **Vrai**
- E. **Vrai**



### QCM n°44 : c, d

- A. Faux : Polymère 1 = polysaccharide (GAG sulfaté); Polymère 2 = protéine ; Polymère 3 = polysaccharide (GAG non sulfaté : acide hyaluronique).
- B. Faux
- C. **Vrai** : groupements sulfates très hydrophiles.
- D. **Vrai** : O-glycosylation ou N-glycosylation d'une protéine.
- E. Faux : liaison non covalente permise par un domaine de liaison à l'acide hyaluronique et une protéine de jonction.

### QCM n°45 : b, d

- A. Faux :  $C_6H_{12}O_6 + 2 NAD^+ + \underline{2} ADP + \underline{2} Pi \rightarrow 2 CH_3COCOOH + 2 NADH + H^+ + \underline{2} ATP$
- B. **Vrai** : la glycolyse est ubiquitaire mais certains organes (dont le foie) la font valoir plus que d'autres.
- C. Faux : les étapes irréversibles (glucokinase, PFK1, pyruvate kinase) sont contournées par d'autres enzymes.
- D. **Vrai**
- E. Faux : pas pour l'aldolase.

### QCM n°46 : a

- A. **Vrai** : tous les acides gras sont faibles. Le plus petit a 4 carbones (le malonyl et l'acétyl ne sont donc pas des AG mais des constituants des AG)
- B. Faux : cette nomenclature est la physiologique, la chimique étant « acide oléique ».
- C. Faux : c'est l'inverse.
- D. Faux : c'est un acide gras à chaîne longue qui est saturé donc il n'a pas d'enchaînement malonique.
- E. Faux : cette température diminue avec le nombre d'insaturations cis, par contre elle augmente avec le nombre de carbones.

### QCM n°47 : a, c, e

- A. **Vrai** : à retenir.
- B. Faux : c'est l'inverse.
- C. **Vrai** : l'ACP sert à sortir l'acétyl de la mitochondrie car l'acétylCoa ne peut pas. Le malonylCoA est un intermédiaire à 3C qui perd un carbone en se fixant à la chaîne, d'où un nombre pair de carbone.
- D. Faux : on en libère 7. Un de chaque tous les 2 carbones, sachant qu'il ne faut pas libérer de coenzymes pour le dernier acétyl qui n'est pas dégradé par la bêta oxydation. Cela fait donc  $16/2=8$  moins un= 7.
- E. **Vrai** : ils lient leur COOH au thiol du Coa et de l'ACP pour former des thioesters.

### QCM n°48 : a, c

- A. **Vrai** : on passe de C18:2(n-6) à C18:3(n-6).
- B. Faux : attention ce n'est pas un AGPI mais un monoinsaturé. Le reste est vrai.
- C. **Vrai** : à retenir.
- D. Faux : elles progressent vers le COOH. Le reste est vrai.
- E. Faux : il s'agit de l'EPA C20:5(n-3) pour les vaisseaux et du DHA C22:5(n-3) pour la vision qui sont des  $\omega$ 3.

QCM n°49 : a, b, d

- A. **Vrai** : leur COOH réagit avec le NH<sub>2</sub> de la sphingosine et non avec ses OH donc ce n'est pas un ester.
- B. **Vrai** : car ils réagissent avec le OH du glycérol et du cholestérol.
- C. Faux : la première partie est vraie, mais la peroxydation n'est pas enzymocatalysée alors que la formation d'icosanoïdes est catalysée par la PLA<sub>2</sub>.
- D. **Vrai** : réserve=TG. Structure= lipides complexes.
- E. Faux : c'est grâce à une cyclooxygénase.

QCM n°50 : c, d. Il s'agit du TXA<sub>2</sub>.

- A. Faux : c'est un icosanoïde (icosa ou eicosa voulant dire C<sub>20</sub>) donc il dérive d'un C<sub>20</sub> et non d'un C<sub>22</sub> comme le DHA.
- B. Faux : il est bien bronchoconstricteur comme les leucotriènes mais ça n'en est pas un.
- C. **Vrai**
- D. **Vrai** : les AINS inhibent la COX donc les prostaglandines donc indirectement le TXA<sub>2</sub> qui dérive de la PGG<sub>2</sub>.
- E. Faux : les archéobactéries ont des acides gras saturés et ramifiés, rien à voir avec cette molécule.

QCM n°51 : a

- A. **Vrai** : réserve dans les adipocytes, transport dans le sang.
- B. Faux : attention le glycérol n'est pas un lipide mais un alcool à la base de certains lipides, de plus les cérides sont à base d'alcool gras et le glycérol n'en est pas un car il n'a pas assez de carbones.
- C. Faux : attention c'est une LIPASE et non une phospholipase ! La lipase coupe les lipides simples comme les TG alors que les phospholipases coupent les lipides complexes (glycérophospholipides).
- D. Faux : ils ont une liaison ester donc ils peuvent subir la saponification qui est une hydrolyse.
- E. Faux : ils ne s'estérifient qu'une seule fois contrairement aux glycérides qui peuvent être pluri-estérifiés.

QCM n°52 : a, b, c, e. C'est la phosphatidylcholine.

- A. **Vrai**
- B. **Vrai** : DAG= glycérol + 2 acides gras. Phosphorylcholine= choline + phosphate. Acide phosphatidique = DAG+ phosphate. Phosphatidylcholine = choline + phosphate + DAG.
- C. **Vrai**
- D. Faux : rien à voir le céramide est dans la sphingomyéline et ne peut pas être coupé par une PL.
- E. **Vrai** : acide arachidonique en position 2.

QCM n°53 : e

- A. Faux : le glycérol n'est pas azoté. Le reste est vrai.
- B. Faux : attention c'est la SPHYNGOSINE et non la sphingomyéline qui est un sphingophospholipide contenant de la sphingosine.
- C. Faux : c'est l'inverse, saturé (lignocérique C<sub>24</sub>) chez les sphingophospholipides et insaturé (acide arachidonique) chez les glycérophospholipides.
- D. Faux : les PL coupent les ESTERS et non les éthers.
- E. **Vrai** : attention à la nuance.

QCM n°54 : a, b

- A. **Vrai**
- B. **Vrai**
- C. Faux : pas la vitamine A par exemple. Ceux dérivant du cholestérol sont cycliques et certaines vitamines aussi ont des cycles.
- D. Faux : uniquement les acides biliaires et les hormones stéroïdes. Les vitamines ne dérivent pas du cholestérol.
- E. Faux : c'est le cas du cholestérol et de ses dérivés, mais certaines vitamines sont exogènes (sauf la D3 qui est endogène).

QCM n°55 : a, b, d, e. Il s'agit du 7-dehydrocholestérol.

- A. **Vrai**
- B. **Vrai** : et en 7-8 comme son nom l'indique.
- C. Faux : c'est un PRECURSEUR du cholestérol et non un dérivé.
- D. **Vrai** : les 2 cycles les plus à droite sont trans comme pour le cholestérol.
- E. **Vrai** : c'est un précurseur de la vitamine D3.

QCM n°56 : b, c, d

- A. Faux : il n'est pas présent dans les végétaux, c'est le phytostérol qui y est présent.
- B. **Vrai**
- C. **Vrai**
- D. **Vrai** : il peut également être éliminé sous sa forme native.
- E. Faux : 30%.

QCM n°57 : c, d, e

- A. Faux : elle est végétale. Le reste est vrai.
- B. Faux : elle en possède 20 (elle dérive du carotène qui en a 40).
- C. **Vrai**
- D. **Vrai** : il s'agit de l'acide rétinoïque qui agit sur le récepteur RXR.
- E. **Vrai**

QCM n°58 : a, b, c, d

- A. **Vrai** : et en tocoperoxyde par échange de 2 électrons.
- B. **Vrai**
- C. **Vrai** : le cycle s'ouvre par les UV, puis il y a hydroxylation en 25 hépatique et en 1 rénale.
- D. **Vrai**
- E. Faux : la jonction des cycles A et B est cis (donc ils ne sont pas plans), les autres jonctions entre les cycles sont trans.

QCM n°59 : a, b, c, e

- A. **Vrai**
- B. **Vrai** :  $k_2$  représente l'étape limitante de transformation du substrat par l'enzyme, c'est-à-dire l'étape la plus lente ( $k_2$  est négligeable devant  $k_{-1}$  et  $k_1$ ). Cette étape est donc représentative de la vitesse de réaction :  $v = k_2(ES)$ .

- C. **Vrai** : dans ce cas,  $v = \frac{dP}{dt}$ , avec P = concentration en produit au cours du temps.
- D. **Faux** : une réaction de n'importe quel ordre, peut avoir une vitesse constante. Il suffit que les concentrations en réactifs, prises en compte dans l'équation de vitesse  $u = k.A^n$ , soient constantes.
- E. **Vrai** : d'après l'équation  $v = \frac{V_m \cdot S}{K_m + S}$ , si  $S=3K_m$ , alors on obtient  $v = \frac{3}{4} V_m$ .

### QCM n°60 : f

- A. **Faux** : une enzyme possède bien une activité spécifique mais elle peut lier plusieurs ligands d'une même famille de molécule. La spécificité est plus ou moins importante selon les enzymes.
- B. **Faux** : la spontanéité d'une réaction est représentée par son  $\Delta G$  (enthalpie libre) qui n'est pas modifiée par l'enzyme. En revanche, l'enzyme abaisse l'enthalpie libre d'activation, ce qui a pour effet d'accélérer la réaction. En conclusion, l'enzyme ne fait que modifier la cinétique de réaction, mais ne modifie en aucun cas son équilibre (spontanéité).
- C. **Faux** : cette interaction est généralement générée par des liaisons dites faibles (non covalentes).
- D. **Faux** : c'est généralement une protéine.
- E. **Faux** : à l'équilibre d'une réaction renversible du type association/dissociation enzyme/substrat, la vitesse de formation du complexe ES est égale à sa vitesse de dissociation (on ne prend pas en compte la vitesse de transformation en substrat qui est négligeable). On écrit alors :  $k_1 (E)(S) = k_{-1} (ES)$ .

### QCM n°61 : a, b, d

- A. **Vrai** : l'enzyme n'est pas nécessaire à la réaction, elle ne fait que l'accélérer.
- B. **Vrai**
- C. **Faux** : une réaction enzymatique est généralement renversible, c'est-à-dire qu'elle peut s'effectuer dans les deux sens. Mais pour éviter des réactions et des pertes d'énergie inutiles, le métabolisme (ensemble des réactions chimiques du corps) impose généralement un sens unique de réaction in vivo.
- D. **Vrai** : le  $K_s$  (valeur très proche du  $K_d$ ) est spécifique à la première étape ( $K_s = \frac{k_{-1}}{k_1}$ ) et est représentatif de l'affinité de l'enzyme pour son substrat. Le  $k_2$ , spécifique à la 2<sup>e</sup> étape, est lui représentatif de la vitesse de formation du produit.
- E. **Faux** :  $K_m$  représente l'inverse de la constante d'affinité.

### QCM n°62 : c, d

Voici la répartition des différentes quantités (et pas concentrations) en protéine et ligand dans les compartiments 1 et 2, à l'état initial.



$n(E_0)$  et  $n(S_0)$  représentent les quantités d'enzyme et substrat à l'état initial, tandis que  $n(E)$ ,  $n(S)$  et  $n(ES)$  représentent les quantités à l'état final. Etant donné qu'on raisonne sur des quantités de matière, on peut déduire directement de ce schéma les équations suivantes :

$n(E_0) = n(E) + n(ES)$  et  $n(S_0) = n(S) + n(ES)$  (et pas  $2 \cdot n(S)$  car on est en quantité de matière).

On calcule ensuite les quantités de matière suivantes à partir des concentrations :

$n(E_0) = 6 \cdot 10^{-5} \cdot 0,5 = 3 \cdot 10^{-5} \text{ mol}$        $n(S_0) = 10^{-4} \cdot 0,4 = 4 \cdot 10^{-5} \text{ mol}$

A partir de la fraction de saturation on calcule ES :

$$Y = [ES] / [Eo] = 0,5.[ES] / 0,5.[Eo] = n(ES) / n(Eo) \Rightarrow n(ES) = Y * n(Eo) = 0,3 * 3.10^{-5} = 0,9.10^{-5} \text{ mol}$$

Et grâce aux équations de départ :

$$n(E) = n(Eo) - n(ES) = (3 - 0,9).10^{-5} = 2,1.10^{-5} \text{ mol} \quad n(S) = n(So) - n(ES) = (4 - 0,9).10^{-5} = 3,1.10^{-5} \text{ mol}$$

Pour avoir la concentration en S, on divise par le volume total :

$$[S] = (3,1.10^{-5}) / 0,9 = 3,44.10^{-5} \text{ mol/L}$$

Puis le Km :

$$Y = [S] / ([S] + Km) = 0,3 \Rightarrow Km = (0,7/0,3) * [S] = (0,7/0,3) * 3,44.10^{-5} = 8,04.10^{-5} \text{ mol/L}$$

A. Faux : la concentration en substrat à l'équilibre est bien de  $(3,1.10^{-5}) / 0,9 = 3,44.10^{-5} \text{ M}$ , mais la membrane étant perméable au ligand, la concentration est la même dans les 2 compartiments.

B. Faux : lorsque l'enzyme est saturée à 70% :

$$Y = 0,7 = [S] / ([S] + Km) \Rightarrow [S] = (0,7/0,3) * Km = 18,75.10^{-5} \text{ mol/L}$$

C. **Vrai** :  $Y = v/Vm \Rightarrow v = Y * Vm = 0,3Vm$

D. **Vrai** : attention ! il faut prendre en compte dans notre calcul la quantité de substrat libre et lié à l'enzyme. La quantité en substrat libre dans la solution pour saturer l'enzyme à 35% est :

$$Y = [S] / ([S] + Km) = 0,35 \Rightarrow [S] = (0,35/0,65) * Km = 4,33.10^{-5} \text{ mol/L}$$
$$\Rightarrow n(S) = 3,89.10^{-5} \text{ mol dans les 900mL.}$$

La quantité en substrat lié à l'enzyme est :  $0,35 * n(Eo) = 0,35 * 3.10^{-5} = 1,05.10^{-5} \text{ mol}$

On retranche la quantité en substrat  $n(So) = 4.10^{-5}$  déjà présente dans la solution à ces valeurs :  $(3,89 + 1,05 - 4).10^{-5} = 0,94.10^{-5} \text{ mol}$  de substrat à ajouter pour saturer l'enzyme à 35%.

E. Faux : ce serait vraiment trop simple si les deux compartiments avaient le même volume ;)

### QCM n°63 : a, d, e

A. **Vrai** : c'est nécessaire car cette méthode dite de Scatchard utilise un modèle de protéine michaelienne.

B. Faux : cette méthode utilise le nombre de site actif total par cellule et ne s'occupe pas de la quantité de protéine. A partir du moment où ces sites sont indépendants (absence d'allostérie), seul le nombre de site actif compte.

C. Faux : L'ordonnée à l'origine est  $n/Kd = 3.10^8$  d'où  $Kd = (2.10^3)/(3.10^8) = 6,7.10^{-6} \text{ M}$ .

D. **Vrai** :  $Y = [L] / ([L] + Kd) = 0,4 \Rightarrow [L] = (0,4/0,6) * Kd = 4,5.10^{-6} \text{ M}$ .

E. **Vrai** : la pente de la droite est  $x = -(1/Kd) = -1,5.10^5 \text{ L/mol}$ .

### QCM n°64 : b, e

A. Faux : les liaisons faibles entre sous-unités protéiques sont suffisantes pour permettre une interaction entre des sites de liaison au ligand présents sur deux sous-unités différentes.

B. **Vrai** : pour une protéine allostérique, le K allostérique (équivalent du Kd) est fonction du nombre de Hill n. Or n varie selon la concentration en ligand.

C. Faux : le nombre de Hill représente le nombre de sites en interaction sur la protéine. Ce nombre peut varier en fonction de la concentration en ligand et il est inférieur ou égal au nombre total de sites sur la protéine.

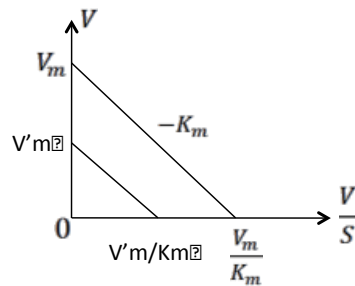
D. Faux : la représentation de la saturation de la protéine allostérique en fonction de la concentration en ligand est une courbe sigmoïde dont le point d'inflexion correspond à la demi-saturation. On parle alors de transition allostérique. Le nombre de Hill ne varie pas forcément en ce point.

E. **Vrai** : on sait que  $Y = ([L]^n) / (([L]^n) + K) = 0,83 \Rightarrow [L]^n = (0,83/0,17) * K$   
 $\Rightarrow n = \log((0,83/0,17) * K) / \log([L]) = 3$

### QCM n°65 : b, e

Dans la représentation d'Edie-Hofstee, la pente de la droite est de  $-Km$ . Le fait que ces deux droites soient parallèles montre donc que le Km reste inchangé malgré l'inhibition. Cette caractéristique ne correspond ni à l'inhibition compétitive, ni à l'inhibition incompétitive. On est donc en présence d'une inhibition non compétitive et on peut alors représenter le graphique suivant qui

donne la pente des droites ainsi que les valeurs au niveau du croisement des droites avec les axes x et y :



Par analogie avec le graphique fourni par le QCM, on déduit que :

$$V_m = 3,7 \cdot 10^{-9}$$

$$V_m/K_m = 1,5 \cdot 10^{-4} \Rightarrow K_m = 2,47 \cdot 10^{-5}$$

$$V'_m/K_m = 2,1 \cdot 10^{-6} \Rightarrow V'_m = 5,19 \cdot 10^{-11}$$

- A. Faux : elle est représentative de l'inhibition non compétitive.
- B. **Vrai** :  $V'_m = V_m / (1 + ([I]/K_i)) \Rightarrow ([I]/K_i) = 70,4 \Rightarrow [I] = 70,4 K_i$
- C. Faux
- D. Faux : en représentation de Lineweaver et Burk, les deux droites se croiseraient au même point au niveau de l'axe des abscisses (car ce point est uniquement fonction du  $K_m$  qui reste inchangé après inhibition non compétitive).
- E. **Vrai** : car  $x = V'_m$ .

### QCM n°66 : a, b, c

- A. **Vrai** : c'est toute l'utilité du critère d'efficacité globale qui dépend de  $k_2$  et de  $K_m$ .
- B. **Vrai** : cf QCM51.
- C. **Vrai**
- D. Faux : c'est le contraire :  $1 \text{ katal} = 1,7 \cdot 10^{-8} \text{ UI}$ .
- E. Faux : Comme on a ces deux expressions :

$$K_m = \frac{k_{-1} + k_2}{k_1} = \frac{(E)(S)}{(ES)} \quad \text{et} \quad K_s = \frac{k_{-1}}{k_1} = \frac{(E)(S)}{(ES)}$$

on en déduit que c'est parce que  $k_2$  est négligeable devant  $k_{-1}$  que  $K_m$  est proche de  $K_s$ .

### QCM n°67 : e

- A. Faux : l'affinité augmente donc la constante d'association augmente (c'est la constante de dissociation qui diminue).
  - B. Faux : le  $V_m$  est inchangé.
  - C. Faux : c'est d'abord le substrat qui se fixe, puis l'inhibiteur pour former le complexe inactif ESI.
  - D. Faux : de l'inhibition incompétitive.
- Vrai** : le facteur d'inhibition est  $(1 + [I]/K_i)$  avec  $[I]$  la concentration en inhibiteur (supérieure à 0 en présence d'inhibiteur) et  $K_i$  la constante de dissociation de l'inhibiteur (supérieure à 0 si l'inhibiteur est spécifique à l'enzyme). La somme est donc supérieure à 1 lorsqu'il y a un inhibiteur spécifique à l'enzyme dans la solution.