

TUTORAT UE 1 2012-2013 – Biochimie

CORRECTION Séance n°5 – Semaine du 22/10/2012

Acides aminés - Protéines S. Lehmann

QCM n° 1: A, C

A. **Vrai**

B. Faux : STY sont des acides aminés phosphorylables et non aromatiques (absorbant à 280 nm).

C. **Vrai**

D. Faux : ce sont des acides aminés protéinogènes.

E. Faux : 110 g/mol.

QCM n°2 : D

Fonction acide $pK_a < pH - 2 \Rightarrow$ forme COO^-

Fonction amine $pK_b > pH + 2 \Rightarrow$ forme NH_3^+

Fonction de la chaîne latérale \Rightarrow fonction acide pK_r environ égale au pH donc partiellement dissocié

$$pH = pK_r + \log \frac{[COO^-]}{[COOH]}$$
$$\frac{[COO^-]}{[COOH]} = 10^{pH - pK_r} = 10^{4 - 4,2} = 0,63$$

D'autre part $COOH + COO^- = 1$ donc $COOH = 1 - COO^-$

$$COO^- = 0,63 (1 - COO^-)$$

$$COO^- (1 + 0,63) = 63$$

$$COO^- = 63 / 1,63 = 39\%$$

QCM n°3 : A, B, C, E

A. **Vrai**

B. **Vrai** : 3 charges négatives dues aux 2 E, et au D.

C. **Vrai** : aa acide donc $pH_i = (pK_r + pK_a) / 2 = 3,1$.

D. Faux : il est chargé positivement.

E. **Vrai**

QCM n°4 : F

A. Faux : c'est un point d'ancrage de la N- glycosylation.

B. Faux : un seul carbone en moins.

C. Faux : elle est hydrophile.

D. Faux : elle est polaire non chargée.

E. Faux : série L.

QCM n°5 : B, C, D

- A. Faux : il n'a pas d'acide aminé aromatique dans sa composition.
- B. **Vrai**
- C. **Vrai**
- D. **Vrai**
- E. Faux : c'est T – Q – R.

QCM n°6 : F

- A. Faux : elle est tétramérique.
- B. Faux : les liaisons de coordinations sont covalentes.
- C. Faux : il n'y a pas de ponts disulfures.
- D. Faux : c'est la partie variable qui est responsable de la reconnaissance antigénique.
- E. Faux : principalement dans l'immunité.

QCM n°7 : C

La chymotrypsine hydrolyse la liaison peptidique après les résidus aromatiques si non suivis d'une proline : de ce fait l'ordre est N-W puis Q-D-S-L. De plus le bromure de cyanogène hydrolyse la liaison après un résidu M. Donc le peptide K-M ne peut être qu'à l'extrémité N-terminale. On obtient donc le peptide : K-M-N-W-Q-D-S-L

- A. Faux : c'est le tryptophane.
- B. Faux : le bromure de cyanogène est un composé chimique (pas une enzyme !) provoquant l'hydrolyse, comme dit ci-dessus, de la liaison peptidique après un résidu M.
- C. **Vrai** : la carboxypeptidase libère l'acide aminé en position C-terminale.
- D. Faux : l'aminopeptidase libère l'acide aminé en position N-terminale, donc ici la lysine.
- E. Faux : Les ancrages lipidiques se forment soit par myristoylation sur une glycine en position N-terminale, soit par palmitoylation sur une cystéine non terminale. On retrouve aussi l'ancrage GPI (glycosylphosphatidylinositol) sur les membranes plasmiques.

QCM n°8 : A, D

- A. **Vrai** : l'acétylation intervient dans la régulation des gènes en neutralisant les charges positives des lysines, ce qui a pour effet de « décoller » les nucléosomes de l'ADN et d'augmenter la transcription des gènes.
- B. Faux : c'est l'hydroxyPROLINE qui est retrouvée dans le collagène, pas l'hydroxyLYSINE.
- C. Faux : c'est 16 carbones, 14 carbones c'est l'acide myristique et c'est pour la myristoylation
- D. **Vrai**
- E. Faux : la N-glycosylation peut se faire au niveau d'une séquence Asn-X-Thr ou Ser où X est différent de la proline.

QCM n°9 : F

Pour les différentes protéines, on sait que :

- La protéine N est neutre, elle ne migre donc pas dans l'IEF. Elle a un poids moléculaire estimé à $110 \times 200 = 22\text{kDa}$.
- Dans la protéine A, 50 AA = 5500 Da. Donc son PM est égal à $22\ 000 - 5500 = 16,5\ \text{kDa}$.
- Dans la protéine B, les résidus acides chargés négativement sont remplacés par des résidus neutres. Donc la charge globale de la protéine est positive puisqu'il reste quand même des résidus basiques. Aucun acide aminé n'a été enlevé/rajouté, son poids moléculaire est donc aussi estimé à 22 kDa. (il faut supposer que les poids moyens des AA restent idem ici).
- Dans la protéine C, les résidus acides chargés négativement sont remplacés par des résidus basiques chargés positivement. Donc la protéine est « 2 fois plus positive » que la B. Donc elle migrera plus rapidement vers la cathode que la protéine B. Même cas que la protéine B pour le PM donc 22 kDa aussi.

-Dans la protéine D, il n'y a pas de changement de la charge globale car la mutation se fait sur les résidus neutres ; donc elle ne migrera pas dans l'IEF. Par contre son PM (= poids moléculaire) sera quand même plus élevé que la protéine N car le tryptophane a un PM supérieur à la glycine. Donc dans le gel d'électrophorèse, la protéine D migrera moins loin que la protéine N.

- A. Faux.
- B. Faux.
- C. Faux.
- D. Faux.
- E. Faux
- F. **Vrai** : 1D, 2C, 3N, 4B, 5A.

QCM n°10 : A, D

- A. **Vrai** : la protéine migre vers l'anode, donc sa charge nette globale est négative.
- B. Faux
- C. Faux
- D. **Vrai** :

Petit rappel de l'IEF : Elle consiste à utiliser un gel dont le pH varie selon un gradient entre les deux électrodes (anode/cathode). Pour chaque molécule chargée, sa charge va varier au fur et à mesure de son déplacement (le pH étant différent en chaque point du gel) jusqu'au moment où la molécule va atteindre son point isoélectrique. N'étant plus chargée, elle ne va plus se déplacer : on est à l'équilibre. On sépare donc les différentes molécules en fonction de leur point isoélectrique d'où le nom d'isoélectrofocalisation. Ici la protéine B est acide. Sachant que le pH varie entre les 2 électrodes, ici son pI n'a pu que diminuer.

- E. Faux

QCM n°11 : A, C, D, E

- A. **Vrai**
- B. Faux : on ne connaît pas le PM total de P1 pour être sûr à 100% qu'elle est monomérique. La bande unique à 100 kDa pour la protéine P1 peut représenter plusieurs sous-unités de 100 kDa chacune.
- C. **Vrai** : ici on a une bande en condition dénaturante à 60 et une à 40 ($60 + 40 = 100$). En condition dénaturante & réductrice on a une bande de 20. Or $5 \times 20 = 100$, donc il faut bien au moins minimum 5 chaînes polypeptidiques.
- D. **Vrai** : c'est le même cas que pour l'item B. On ne connaît pas le PM total de ces protéines, donc il est possible qu'on ait plusieurs monomères.
- E. **Vrai** : là on a le PM. Donc pour aller à 500 la protéine sera pentamérique (5×100). Chaque monomère de 100 kDa possède 2 chaînes (une de 60 une de 40). Soit en tout 10 chaînes avec 2 cystéines par monomère, donc au minimum $2 \times 5 = 10$ cystéines.

QCM n°12: A

- A. **Vrai**
- B. Faux : l'orexine possède 2 ponts S-S intra-caténaires.
- C. Faux : la chaîne A possède 21 acides aminés et la chaîne B en possède 30.
- D. Faux : il y a un pont S-S intra-caténaire dans la chaîne A de l'insuline.
- E. Faux : c'est une hormone très conservée entre les espèces.

QCM n°13: B, C

- A. Faux : c'est une technique permettant de séparer les acides aminés en fonction de leur hydrophobicité.
- B. **Vrai**
- C. **Vrai**
- D. Faux : il correspond à l'isoleucine.
- E. Faux : il correspond à la lysine.

QCM n°14: A, B, C, E

- A. Vrai
- B. Vrai
- C. Vrai
- D. Faux
- E. Vrai

QCM n°15 : A, D, E

- A. Vrai
- B. Faux : c'est une technique permettant de séparer les protéines en fonction de la présence de groupements d'atomes formant des motifs (épitopes) particuliers.
- C. Faux : $pH_{i(K)} \approx 10$ donc à $pH = 7$, K sera chargé positivement. K migre donc vers la cathode. $pH_{i(D)} \approx 3$ donc à $pH = 7$, D sera chargé négativement. D migre donc vers l'anode. $pH_{i(A)} \approx pH$ donc A ne migre pas.
- D. Vrai
- E. Vrai

QCM n°16 : A, D

- A. Vrai : la protéine a un poids moléculaire de 90kDa. Le poids moléculaire moyen d'un résidu est de 110 Da. La molécule est donc constituée de $90\ 000 / 110 = 818,18$ résidus. Dans une hélice α , chaque résidu occupe sur l'axe de l'hélice une longueur de 0,15 nm. La molécule a donc une longueur de $818,18 \times 0,15 = 122,7$ nm.
- B. Faux : il n'y a pas de prolines dans les hélices α car elles entraînent des coudes dans l'hélice.
- C. Faux : dans le collagène, on retrouve une hélice gauche avec un pas plus allongé (contient de la proline).
- D. Vrai : elle s'étudie par spectrométrie IR et dichroïsme circulaire certes ; mais en diffraction on a aussi la 3^{aire} ET la 2^{aire}
- E. Faux : il permet d'étudier la structure secondaire de la protéine.