

TUTORAT UE 1 2013-2014 – Biochimie

CORRECTION Séance n°5 – Semaine du 21/10/2013

Protides et protéines LEHMANN

QCM n°1 : A, E.

- A. **Vrai.** C'est une technique quantitative de tri des AA.
- B. Faux. Elle utilise l'hydrophobicité des AA, donc la même technique que la chromatographie de partage.
- C. Faux. L'hydrophobicité n'intervient pas ici, mais les AA migreront en fonction de leur charge.
- D. Faux. Les cations migrent vers la cathode.
- E. **Vrai.**

QCM n°2 : F.

- A. Faux. La G est la plus présente, puis la P, et enfin l'hydroxy-P.
- B. Faux. La structure I du collagène est l'enchaînement des acides aminés (GXY).
La structure II du collagène est un repliement local de la protéine (ex : étude du repliement des AA 12 à 25 et des différentes interactions entre eux).
La structure III correspond à un repliement global de la protéine c'est à dire l'hélice gauche, appelée chaîne α (Attention !! ici c'est le nom de la chaîne, à ne pas confondre avec l'hélice α).
La structure IV est la structure fonctionnelle à 100% de la protéine, c'est la super-hélice droite (enroulement de trois hélices gauches).
- C. Faux. C'est la présence de liaisons hydrogènes (donc non covalentes) qui augmente la stabilité de la structure quaternaire.
- D. Faux. Elle est nécessaire à l'hydroxylation de la proline. Son déficit entrainera donc un collagène de mauvaise qualité.
- E. Faux. Elle est due à une mauvaise synthèse de collagène (un déficit enzymatique lui fait perdre ses propriétés de résistance, ce qui entraîne une hyper-élasticité de la peau).
- F. **Vrai.**

QCM n°3 : C, E.

- A. Faux. Les sites actifs sont au niveau des parties variables de l'immunoglobuline G (IgG). Elles seront variables afin de mieux reconnaître les différents antigènes.
- B. Faux. Ce sont des monomères : les 4 sous unités sont unies par des ponts disulfures (liaisons covalentes).
- C. **Vrai.** Les 4 monomères sont associés par des liaisons faibles (notamment des liaisons hydrogènes).
- D. Faux. C'est un phénomène d'agrégation de l'hémoglobine au sein du globule rouge (qui aura alors tendance à se déformer et à avoir une forme de faucille, d'où le terme d'anémie falciforme) : le PM va donc augmenter.
- E. **Vrai.**

QCM n°4 : E.

- A. Faux. C'est le précurseur du peptide amyloïde qui est transmembranaire, il sera ensuite clivé par des sécrétases pour former le peptide amyloïde (40 à 42AA).

- B. Faux. Elle est due à une accumulation du peptide amyloïde.
- C. Faux. C'est une hétéroprotéine (glycoprotéine de 253 AA).
- D. Faux. Elle est due à une agrégation des feuilletts β , le reste de la phrase est vraie.
- E. **Vrai.** Les protéines anormales (PrPsc) ont la faculté de convertir les protéines saines (PrPc), d'où la transmission rapide de la maladie.

QCM n°5 : B, E.

- A. Faux. La glycine ne possède pas de carbone asymétrique car le carbone α est relié à deux groupements H.
- B. **Vrai.**
- C. Faux. La cystéine contient également un atome de soufre, lui permettant de former des ponts disulfures.
- D. Faux. La glycine est un neuromédiateur inhibiteur.
- E. **Vrai.**

QCM n°6 : A, E.

- A. **Vrai.**
- B. Faux. C'est le deuxième le plus hydrophobe après l'isoleucine.
- C. Faux. W, Y et F absorbent à 280 nm.
- D. Faux. Cet acide aminé et ses dérivés sont dangereux durant la croissance, spécifiquement pour les enfants et les femmes enceintes (car il sont toxiques pour le fœtus).
- E. **Vrai.**

QCM n°7 : A, B.

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.** La fonction basique, totalement non dissociée à pH acide ($^+H_3N-R$), apporte une charge de +1. La fonction acide à $pK_a=pH$ est à moitié dissociée et apporte une charge de -0,5. Il faut ensuite calculer le pourcentage d'acide/base de la fonction acide de la chaîne latérale avec la relation d'Henderson Hasselbach.

$$pH = pK_r + \log[A^-/AH] \rightarrow 2,2 - 4,3 = \log[A^-/AH]$$

$$\rightarrow [A^-/AH] = 10^{-2,1} = 0,00794$$

$$\text{Or } [A^-] + [AH] = 100\% = 1 \rightarrow [A^-] = 1 - [AH]$$

$$\rightarrow 1 - [AH] = 0,00794 \times [AH]$$

$$\rightarrow [AH] = 1/1,00794 = 99,2\%$$

Donc $[A^-] = 0,8\%$ et il apporte une charge de -0,008.
Charge globale : $(+1) - 0,5 - 0,008 = 0,492$.

QCM n°8 : A, B, C, D, E.

- A. **Vrai.** C'est la tyrosine.
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.** L'histamine a également un rôle vasodilatateur et bronchoconstricteur.

QCM n°9 : C.

- A. Faux. Acétylation puis méthylation.
- B. Faux. Elle diminue avec l'âge.
- C. **Vrai.**
- D. Faux. La sérotonine a un effet vasoconstricteur, permettant d'éviter les hémorragies.
- E. Faux. C'est un dérivé du tryptophane.

QCM n°10 : A, B, C, E.

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.** En cristallographie, on travaille sur un cristal de protéine. C'est la RMN qui nécessite de travailler sur une protéine ou un peptide pur et en solution.
- C. **Vrai.** La RMN et la cristallographie permettent l'étude de la structure tertiaire des protides, et donc de leurs structures secondaires et primaires.
- D. **Faux.** La dialyse permet seulement la purification.
- E. **Vrai.**

QCM n°11 : C, D, E.

- A. **Faux.** Dans des conditions non dénaturantes, la migration dépend de la charge et non du poids moléculaire.
- B. **Faux.** La protéine est composée d'un seul type de chaîne peptidique, mais elle peut être multimérique, avec chaque monomère constitué d'une chaîne de PM = 25 kDa.
- C. **Faux.** En conditions dénaturantes (en présence de SDS seul), cette protéine formerait une seule bande à 50 kDa.
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

QCM n°12 : A, C, E.

1. **Il est N-glycosylé** → il possède une séquence consensus N – X – T/S.
2. **Il est myristoylé** → il possède une glycine N-terminale.
3. **Il est formé de 9 acides aminés dont : M, Y, 2 W.**
4. **Le bromure de cyanogène n'a aucun effet sur ce peptide** → pourtant il y a une méthionine, donc elle est forcément placée en C-terminal.
5. **Le 4^{ème} acide aminé est une sérine.**
6. **L'action de la trypsine libère 2 peptides : l'un contenant N, G, et R ; l'autre contenant entre autres Y, S et 2 W** → le peptide contenant N, G, et R est forcément du côté N-terminal car on y a déjà placé G, cette proposition nous permet donc de placer R et N.
7. **L'action de la chymotrypsine libère 1 peptide de 7 acides aminés et 2 acides aminés : W et M.** → il y a 3 acides aminés aromatiques : 2 W et Y qui sont à l'intérieur de la chaîne, pourtant la chymotrypsine ne clive qu'en 2 endroits → l'un de ces acides aminés est suivi d'une proline, ce qui a empêché le clivage. De plus, la chymotrypsine ayant libéré 2 acides aminés isolés (W et M), on peut placer le W en position 8.

On aboutit aux 2 peptides possibles : G-N-R-S-W-P-Y-W-M ou G-N-R-S-Y-P-W-W-M.

- A. **Vrai.**
- B. **Faux.** Le peptide obtenu ne possède pas de cystéine, il ne forme donc pas de ponts disulfure.
- C. **Vrai.**
- D. **Faux.**
- E. **Vrai.**

QCM n°13 : B, E.

- A. **Faux.** Deux charges «-1» pour D et E, et une charge « +1 » pour R donc charge globale de « -1 ».
- B. **Vrai.** Séquence consensus de type N-X-S, X n'étant pas une proline, donc N-glycosylation sur N.
- C. **Faux.** La trypsine coupe après les acides aminés basiques, or le R est à l'extrémité du peptide, donc peptide non modifié par la trypsine. La chymotrypsine, elle, va séparer en un peptide et un acide aminé car coupe après les acides aminés aromatiques, donc après W.
- D. **Faux.** La myristoylation se fait sur une Gly N-terminale, ce qui n'est pas le cas ici.
- E. **Vrai.** Le tryptophane, acide aminé aromatique, absorbe à 280 nm.

QCM n°14 : B, E.

La lecture conventionnelle est de N-term à C-term, le peptide est alors : S-Q-G-E-C-K-P-C.

- A. **Faux.** La lysine est suivie d'une proline, la trypsine ne peut alors pas agir.
- B. **Vrai.** Il s'agit de la glutamine Q.
- C. **Faux.** Attention à la présence de l'acide aminé proline.
- D. **Faux.** Il s'agit du premier acide aminé, la serine.

E. **Vrai.** Par ses deux cystéine.

QCM n°15 : B, D.

A. Faux. Hélice droite.

B. **Vrai.**

C. Faux. Stabilisé par des liaisons hydrogènes.

D. **Vrai.** Sauf pour les protéines possédant une structure quaternaire.

E. Faux. Les protéines n'ont pas toutes une structure quaternaire.