

# TUTORAT UE 1 2013-2014 – Biochimie

## CORRECTION COLLE n2 – Lundi 25 novembre 2013

### *Biochimie structurale & métabolique*

#### *Protides – Enzymologie – Glucides – Lipides*

#### QCM n1 : B, D

- A. Faux. Attention, le noyau imidazole de l'histidine n'est pas considéré comme aromatique d'un point de vue biochimique. Donc l'H ne fait pas partie des AA aromatiques (FYW).
- B. **Vrai.**
- C. Faux. S, T, Y sont le siège de l'O-glycosylation, N est le siège de la N-glycosylation, mais la N n'est pas le siège de phosphorylation.
- D. **Vrai.** Les ponts SS augmentent la stabilité et la résistance de la protéine (ex : présence de 18% de cystéine dans la kératine).
- E. Faux. C'est le premier acide aminé de la traduction, donc le premier AA présent dans une protéine immature. Les protéines matures possèdent le plus souvent un peptide signal, qui contenait la méthionine, qui sera clivé.

#### QCM n2 : A, C

- A. **Vrai.** Dans le SNC ils sont impliqués dans les émotions et le sommeil.
- B. Faux. Il s'agit de la tyrosine.
- C. **Vrai.** L'enzyme qui intervient est la L-DOPA décarboxylase.
- D. Faux. La méthyltransférase transforme la noradrénaline en adrénaline.
- E. Faux. La dopamine ne passe pas la BHE, on utilise par conséquent la L-DOPA qui traversera la barrière et qui se transformera ensuite en dopamine dans le SNC.

#### QCM n3 : A, D

- A. **Vrai.**
- B. Faux. Elle fait intervenir une déshydratation.
- C. Faux. La proposition serait vraie pour 210 nm, en effet tout peptide absorbe à 210 nm, du simple fait que toute liaison peptidique absorbe à 210 nm. L'absorption à 280 nm est caractéristique des acides aminés aromatiques (W, Y, F), donc si le peptide ne contient pas ces acides aminés, il n'absorbera pas à 280 nm.
- D. **Vrai.**
- E. Faux. On calcule le poids moléculaire du glutathion :  
$$\text{PM (glutathion)} = 147 + 121 + 75 - (2 \times 18) = 307 \text{ Da.}$$

On a une solution à 0,7% de glutathion = 0,7 g/100mL = 7g/L.  
D'où une solution à 0,7% =  $7/307 = 22,8 \text{ mM.}$

**QCM n4 : C, E**

- A. Faux. L'isoélectrofocalisation se fait dans des conditions non dénaturantes (ou natives), car cette migration se fait selon les charges des protéines étudiées.
- B. Faux. Car on est dans des conditions dénaturantes.
- C. **Vrai.** Ces deux molécules ont le même poids moléculaire, donc avec une électrophorèse classique, elles auraient été confondues dans la même tache, ici on peut les distinguer car la première dimension les a séparées selon leur pHi.
- D. Faux. Ces deux molécules n'ont pas le même poids moléculaire, on aurait pu les distinguer même avec une électrophorèse classique.
- E. **Vrai.**

**QCM n5 : A**

- A. **Vrai.**
- B. Faux. Une constante de vitesse d'ordre 0 correspond à une vitesse de réaction constante et k est exprimé en M.t<sup>-1</sup> (mol.L<sup>-1</sup>.t<sup>-1</sup>).
- C. Faux. k est exprimé en M<sup>-1</sup>.t<sup>-1</sup>.
- D. Faux. La vitesse de réaction diminue avec le temps sauf dans le cas des réactions d'ordre 0.
- E. Faux.

$$\ln \frac{k_2}{k_1} = \frac{\Delta G_a(T_2 - T_1)}{R \cdot T_1 \cdot T_2} = \frac{20900 \times (308 - 288)}{8.31 \times 308 \times 288} = 0.567$$

$$\frac{k_2}{k_1} = e^{0.567} = 1.76$$

Donc k<sub>2</sub> = 1,76 k<sub>1</sub>, la constante de vitesse de cette réaction est multipliée par un facteur 1,76 en passant de T<sub>1</sub>=15°C à T<sub>2</sub>=35°C.

**QCM n6 : B, C, D.**

- A. Faux. On fait que L<sub>0</sub> = 2L + PL, d'où PL = L<sub>0</sub> - 2L = 3.10<sup>-4</sup> - 2x5.10<sup>-5</sup> = 2.10<sup>-4</sup> M
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.** Y = PL / P<sub>0</sub> = (2.10<sup>-4</sup>) / (2.10<sup>-3</sup>) = 0,10 = 10%
- D. **Vrai.**
- E. Faux. On sait que :

$$Y = \frac{L}{L + Kd}$$

$$C - a - d, YxL + YxKd = L$$

$$D' où, Kd = \frac{L(1 - Y)}{Y}$$

$$\text{En remplaçant, } Kd = \frac{5.10^{-5}(1 - 0,1)}{0,1} = 4,5 \cdot 10^{-4} \text{ M}$$

**QCM n7 : B, E.**

- A. Faux. Très rapidement le complexe enzyme substrat est formé, le plus long est la transformation du substrat.
- B. **Vrai.**
- C. Faux. Se référer à l'item D.
- D. Faux. C'est en M<sup>-1</sup>.
- E. **Vrai.** La constante d'affinité est l'inverse du K<sub>D</sub> (ou du K<sub>M</sub>).

**QCM n8 : A, E.**

- A. **Vrai.**
- B. Faux. Elle est de pente négative –  $K_M$ .
- C. Faux. L'ordonnée à l'origine donne  $V_m=0.5 \text{ mM}\cdot\text{min}^{-1}$ . La droite coupe l'axe des abscisses et donne  $(V_m/K_M)=0.25 \text{ min}^{-1}$ . On en déduit  $K_M = (0.5 \cdot 10^{-3})/0.25 = 2 \cdot 10^{-3} \text{ M}$ .
- D. Faux.
- E. **Vrai.**

**QCM n9: A, B, C, D, E.**

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.** 2 ATP consommés par sulfate activé.

**QCM n10 : B, C, E**

- A. Faux. On obtient du 2,3,4,6-tetra-O-methyl-D-galactose et du 2,3,6-tri-O-methyl-D-glucose.
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.** Le C1 du glucose est libre, il peut être soit  $\alpha$  soit  $\beta$ .
- D. Faux. Il sera hydrolysable par une  $\beta$ -galactosidase.
- E. **Vrai.**

**QCM n11 : A, B, E**

- A. **Vrai.** Chaîne principale d' $\alpha$ -D-glucopyranose (liaisons  $\alpha$  1-4) et ramifications en  $\alpha$  1-6.
- B. **Vrai.** On peut aussi obtenir du maltotriose et des dextrans.
- C. Faux. L'inuline n'est pas un polysaccharide réducteur.
- D. Faux. Les amylases sont des  $\alpha$ -endoglycosidases qui dégradent l'amidon. On obtient des dextrans [enchaînement de molécules de glucose avec liaisons de type  $\alpha$  (1-4) et  $\alpha$  (1-6)] dont font partie le maltose, l'isomaltose et le maltotriose. Puis la maltase et la sucrase-isomaltase hydrolysent les dextrans en glucose.
- E. **Vrai.** Mais l' $\alpha$ -glucosidase n'hydrolysera que la première liaison, comme la  $\beta$ -fructosidase, à moins que son activité soit endosidique.

**QCM n12 : D**

- A. Faux. Hexokinase =  $K_M$  petit (forte affinité) et  $V_{max}$  faible pour le glucose.
- B. Faux. L'hexokinase est ubiquitaire, la glucokinase est uniquement hépatique et pancréatique.
- C. Faux. Le PDHA est isomérisé en PGA, et non l'inverse.
- D. **Vrai.**
- E. Faux. L'oxydation d'un PGA produit 1 NADH,  $H^+$  et 2 ATP.

**QCM n13 : B, D**

- A. Faux. Trois réactions : fructose  $\rightarrow$  F1P  $\rightarrow$  PDHA  $\rightarrow$  PGA  $\Rightarrow$  glycolyse.
- B. **Vrai.**
- C. Faux. La phase oxydative est irréversible.
- D. **Vrai.**
- E. Faux. Elle permet la synthèse de NADPH,  $H^+$

**QCM n°14: A, B, D, E**

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.**
- C. Faux. Pas dans le maïs.
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

**QCM n°15: B, E**

- A. Faux. La synthèse se fait dans le cytosol et la dégradation dans la mitochondrie.
- B. **Vrai.**
- C. Faux. De l'acide butyrique C4:0 à l'acide palmitique C16:0.
- D. Faux. Élongation du côté COOH.
- E. **Vrai.**

**QCM n°16: E**

- A. Faux. On obtient du diacylglycérol, et de l'IP3 (1,4,5).
- B. Faux. Le diacylglycérol est un médiateur cellulaire qui active la PKC.
- C. Faux. Action de la sphingomyélinase.
- D. Faux. La sphingomyéline est un phospholipide présent dans la gaine de myéline entourant certains axones, la gaine de myéline se doit d'être isolante et solide, c'est pour cette raison que l'acide gras en 2 de la sphingomyéline est long (C24) et saturé.
- E. **Vrai.**

**QCM n°17: A, B, D**

- A. **Vrai.** Il y a oxydation de la fonction 3-OH et isomérisation pour obtenir du cholest-4-ène-3-one.
- B. **Vrai.**
- C. Faux. Les deux hormones possèdent 21 carbones.
- D. **Vrai.**
- E. **ITEM ANNULE (erreur sur la représentation de la molécule, le premier méthyl est mal placé).**