

Correction Biochimie Concours 2017- 2018 :

QCM 16 : D

A) FAUX

B) FAUX

Dénaturation des protéines

1. Définition:
La dénaturation est un processus physique qui détruit les structures secondaires, tertiaires et quaternaires de la protéine. La perte de la structure implique la perte de la fonction de la protéine.
La structure primaire n'est pas altérée lors de la dénaturation (pas d'hydrolyse des liaisons peptidiques).

Structure secondaire : feuilletts β -plissés

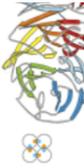
- Le feuillet β -plissé est une structure plus étirée que l' α -hélice
- Le feuillet β -plissé est constitué de segments de la chaîne peptidique qui s'alignent côte à côte pour former une structure en zigzag
- Ces segments sont reliés entre eux par liaison hydrogène entre [-H] de [-NH] d'une chaîne et l'oxygène du carbonyle de la chaîne adjacente
- Pas de nombre particulier d'acides aminés pour liaison hydrogène (différence avec l'hélice α)
- Les groupements des chaînes latérales d'un feuillet β -plissé s'étendent au-dessus et au-dessous du plan du feuillet

C) FAUX : on voit que la moitié n'a donc pas de forme quaternaire.

Fréquence des structures quaternaires :

Parmi les structures protéiques connues environ la moitié est sous forme quaternaire

- 2/3 sous forme homomère
- 1/3 sous forme hétéromère



D) VRAI

1. acides aminés ayant un groupement R polaire et chargé

- En conditions physiologiques, R hydrophiles fonctionnent comme des acides ou des bases qui tendent vers une charge complète (+ ou -)
- Participation à des liaisons ioniques
- Implication dans des réactions chimiques

5 acides aminés
2 chargés -
3 chargés +

L'aspartate possède un groupement polaire et chargé - donc possibilité de faire des liaisons ioniques.

E) FAUX

QCM 17 : ABD

A) VRAI

La présence d'un résidu proline perturbe l'organisation d'une α -hélice \rightarrow son groupement amino secondaire n'est pas

B) VRAI

Coude β : observé à la surface de la protéine/polypeptide

- Correspond à un court segment de 4 acides aminés permettant un changement de direction de la chaîne
- Parmi les 4 acides aminés on retrouve souvent:
 - en position 3: glycine (aa petit et flexible)

C) FAUX

Les groupements -C=O et -NH de la liaison peptidique ne sont pas chargés, et ni libèrent ni acceptent des protons dans la zone de pH entre 2 et 12.

D) VRAI

la liaison peptidique de façon plus ou moins spécifique

Trypsine : hydrolyse la liaison peptidique côté C-ter des Lys et Arg

E) FAUX

QCM 18: ABCD

A) VRAI :

- L'unité de base des **protéoglycane** se compose d'un noyau protéique lié de façon covalente à une partie **glycosaminoglycane**, qui prédomine en taille (jusqu'à 95% de carbohydrates)

Glycosaminoglycane: longues chaînes osidiques linéaires (pas de ramifications) formées de répétitions de disaccharide (sucre acide-hexosamine) regroupant des milliers de sucres

B) VRAI

- La fraction glucidique est composée de différents groupes d'osides. Ces **glycoprotéines** peuvent posséder dans leur structure plus de 5% de glucides:

- Monosaccharides: D-mannose D-galactose
- Glucosamine et galactosamine souvent acétylées
- Acide N-acétylneuraminique souvent en position terminale et responsable du caractère acide des **glycoprotéines**
(NANA: N-acetylneuraminic acid)

C) VRAI

- L'interconversion entre α et β passe par la forme linéaire de l'ose

Isomérisation	Cause	Exemple
Isomères	Composés de même formule chimique mais possédant une structure différente	Glucose, fructose, mannose, galactose
Isomères de fonction	Composés de même formule chimique avec des fonctions différentes (aldéhyde/ cétone)	Glucose et fructose
Énantiomères	2 stéréoisomères formant image de l'un de l'autre dans un miroir non superposable. Se définit en fonction de la position du [-OH] sur l'avant dernier carbone: série D ou série L	D-glucose et L-glucose
Épipères	Composés de même formule chimique mais qui diffèrent par la configuration (position [-OH]) d'un C asymétrique hors avant dernier carbone	Glucose et galactose (épipères en C4)
Anomères	Composés de même formule chimique mais qui diffèrent par la position dans l'espace du [-OH] du C anomérique	β -D-glucopyranose et α -D-glucopyranose

D) VRAI

E) FAUX

QCM 19 : ABD

❖ L'hydrolyse des phospholipides membranaires permet la synthèse de médiateurs lipidiques :

A) VRAI

PLA2 → prostaglandines, leucotriènes, lysophospholipides

B) VRAI

PLC → diacylglycérol et inositol 1,4,5 triphosphate (médiateurs)

C) FAUX ça AUGMENTE

• La conjugaison augmente la nature amphipathique suite à l'ionisation complète à pH alcalin de la bile (pK_a du carboxyl et du sulfonate des formes conjuguées plus bas que le pK_a du carboxyl des formes non conjuguées) → meilleur effet détergent des sels biliaires

D) VRAI



E) FAUX

QCM 20 : C

A) FAUX

!! Une réaction à l'équilibre ne signifie pas que les concentrations sont égales

B) FAUX

ATP → pas fourni par circulation sanguine ni par les tissus
importance de la resynthèse continue par la cellule

C) VRAI

Avec la CPK et la AK, le muscle dispose d'une voie métabolique courte, capable de fournir immédiatement de l'énergie utilisable pour l'effort

D) FAUX

Cette voie métabolique ne demande pas d'oxygène et ne produit pas de lactate → on l'appelle voie anaérobie-alactique

E) FAUX

Dans les muscles striés, CPK → 2 formes fonctionnellement différentes :

⇒ forme cytosolique : forme dimère (CPK-2) présente dans le cytoplasme et l'espace intermembranaire des mitochondries

⇒ forme mitochondriale : forme octamère (CPK-3) ancrée à la face externe de la membrane interne des mitochondries en interaction avec l'ATP / ADP translocase

QCM 21 : E

A) FAUX : une enzyme ne rend pas possible une réaction qui ne l'est pas

• Un catalyseur ne rend jamais possible une réaction qui est thermodynamiquement impossible (cad $\Delta G > 0$)

B) FAUX :

Les acides aminés auxiliaires

- Proches du site actif (SA)
- Pas d'interaction avec substrat

C) FAUX

Les isoenzymes sont codées par des gènes différents.

D) FAUX

Ce sont des interactions de faible niveau énergétique

Localisation : notion d'isoenzymes

plusieurs gènes / expression tissu-spécifique

E) VRAI

- Le(s) substrat(s) sont associé(s) à l'enzyme au niveau du site actif par de multiples interactions de faible niveau énergétique → formation de complexe ES

QCM 22 : BD

Coenzymes catalytiques / prosthétiques

Coenzymes liés à apoenzyme par des liaisons fortes (type covalente)

- > la liaison est définitive, irréversible
- > la concentration en coenzyme est voisine de la concentration en enzyme (catalytique)

A) FAUX :

B) VRAI:

Nicotinamide Adénine Dinucléotide Phosphate

Coenzyme transportant 2e⁻ et un H⁺ (soit un H⁺)

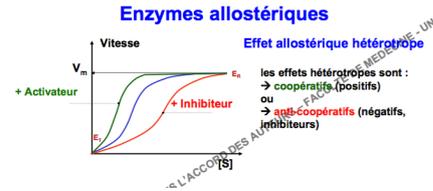
Coenzyme de réactions de réduction (voies anaboliques), surtout cytoplasmique

C) FAUX : coenzyme des voies anaboliques :

D) VRAI :

Vitamine B5	Acide pantothénique	Coenzyme A
-------------	---------------------	------------

E) FAUX :



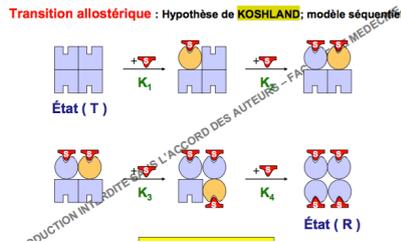
QCM 23 : C

A) FAUX : On ne diminue pas la vitesse avec un effecteur allostérique hétérotrope coopératif.

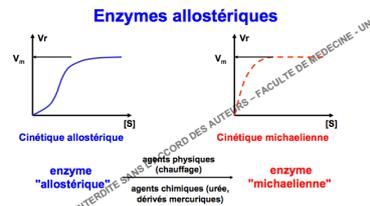
B) FAUX : liaison NON covalente :

-> liaison réversible, non covalente, d'un effecteur appelé **modulateur allostérique**

C) VRAI :



D) FAUX: une hyperbole



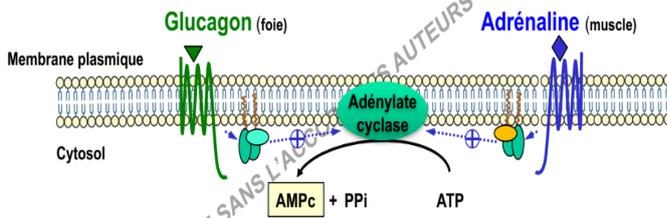
E) FAUX

QCM 24 : AD

A) VRAI

B) FAUX: les deux types de contrôle peuvent intervenir conjointement dans chaque sens de régulation.

C) FAUX: seules l'adrénaline et le glucagon agissent via l'augmentation de l'AMPc. De plus, l'insuline et l'adrénaline ont des actions antagonistes sur les régulations enzymatiques.

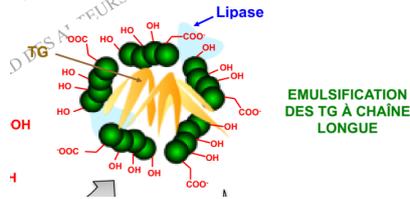


D) VRAI

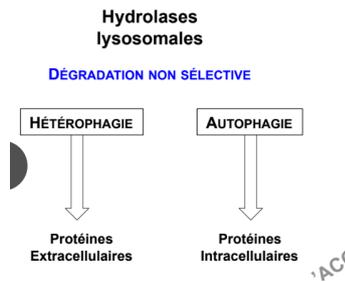
E) FAUX

QCM 25 : ABC

A) VRAI



B) VRAI



C) VRAI : cf SGLT1 transporteur actif (= ATP)) couple au Na+

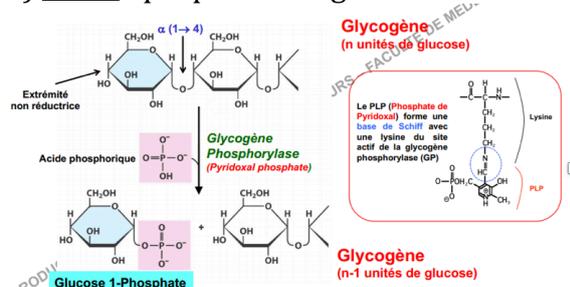
D) FAUX: saccharose= fructose+glucose donc liberation d'un glucose et d'un fructose.

E) FAUX

QCM 26 : C

A) FAUX: les réserves de glycogène hépatique sont très faibles d'où la nécessité de mettre en place la NGG avec la synthèse du glucose de novo pour maintenir la normoglycémie.

B) FAUX: que pour la dégradation avec la GP



C) VRAI

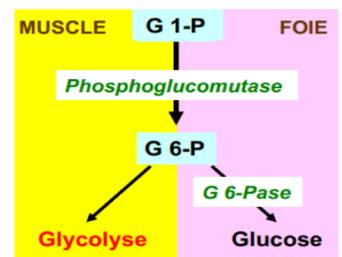
D) FAUX: la GP ne libère pas directement du glucose mais du G1P (cf : diapo ci-dessus)

E) FAUX

QCM 27 : E

A) FAUX: c'est la voie du mannose-6-phosphate

B) FAUX ce n'est pas directement du G6P c'est d'abord du G1P



C) FAUX: le F6P n'est pas un inhibiteur de la PFK1

EFFETS	EFFECTEURS
ACTIVATION PFK-1	AMP
	Fructose 2,6-BisP (foie)
INHIBITION PFK-1	ATP
	Citrate (intermédiaire du CK)
	[H ⁺] pH acide

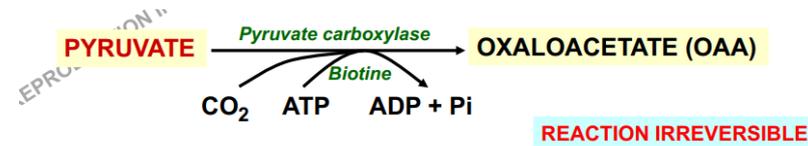
D) FAUX

PK	L'isoenzyme musculaire n'est pas soumise à la régulation par phosphorylation
-----------	--

E) FAUX

QCM 28 : ABD

A) VRAI



B) VRAI

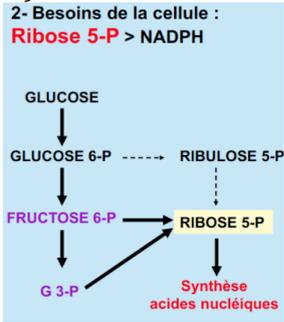
P F K 2 (Foie)	Phosphorylée	[glucagon] élevée Réaction sens production F 6-P Pas d'activation de PFK-1	glycolyse ↓ néogluc ↑	C O V A L E N T E
	Déphosphorylée	[insuline] élevée Réaction sens production F 2,6-BisP Activation de PFK-1 par F 2,6-BisP	glycolyse ↑ néogluc ↓	

PK	Phosphorylée	[glucagon] élevée Enzyme moins active Néoglucogenèse favorisée	glycolyse ↓ néogluc ↑	C O V A L E N T E
		[insuline] élevée	glycolyse ↑ néogluc ↓	

C) FAUX : attention la glycérol kinase est absente du tissu adipeux



D) VRAI



E) FAUX

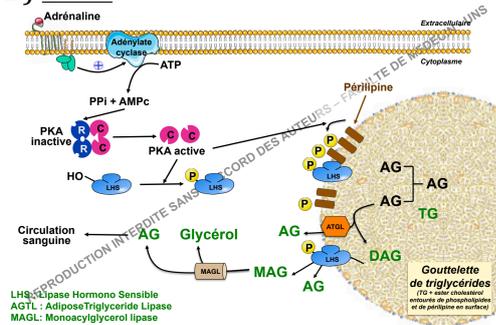
QCM 29 : BC

A) FAUX

LDU

Lipoprotéines de faible densité fortement chargées en cholestérol estérifié

B) VRAI



C) VRAI: TOUS les types AG ont besoin d'être activés préalablement par la thiokinase ou acyl-coa synthase avant d'être utilisés.

D) FAUX: pour C<12, les enzymes sont solubles dans la matrice et non associées sous forme d'un complexe ancré dans la MIM.

Complexe **multienzymatique membranaire** pour les acyl-CoA à longue et très longue chaîne (>12C) = complexe protéique trifonctionnel (TFP)

Enzymes solubles dans la matrice pour les acyl-CoA à courte et moyenne chaîne (R12C)

substrat

E) FAUX

QCM 30 : CD

A) FAUX : le citrate inhibe la PFK1 et active l'ACC
Acétyl-CoA carboxylase

Régulation à court terme

Régulateurs

Qui favorisent la **forme active**

Citrate

INHIBITION
PFK-1

Citrate
 (intermédiaire du CK)

B) FAUX: l'adrénaline inhibe l'ACC2 donc bloque la synthèse de malonyl-coa.

Qui favorisent la **forme inactive**

- Palmityl-CoA
- Glucagon / adrénaline (phosphorylation)

C) VRAI

D) VRAI : Le manque d'insuline lève l'inhibition de la LHS créée normalement via la phosphodiesterase → LHS active → lipolyse +++ → libération d'AG → bêta-ox → accumulation d'acétyl-coA → activation céto-génèse.

Le manque d'insuline ne permet pas la régulation covalente activatrice des voies de stockage et favorise ainsi l'activation des voies de déstockage ou loin de la période post-prandiale → NGG +++

E) FAUX

QCM 31 : D

elle est réprimée par le GTP → la fixation du GTP arrête de l'oxydation de Glutamate quand la cellule est dans un état de haute énergie

Répression par le GTP → préserve le [glutamate] nécessaire à la production de l'activateur N-Acétyleglutamate

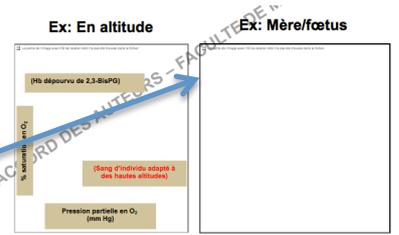
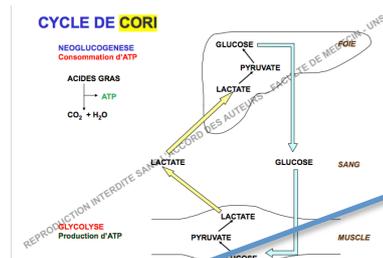
A) FAUX

B) FAUX

C) FAUX

D) VRAI

E) FAUX



Si BESOIN O₂
 => augmentation du taux sanguin de 2,3-BPG
 => déviation de la courbe de dissociation vers la droite
 => diminution de l'affinité de l'Hb pour l'O₂
 => dissociation de l'O₂ dans le sang.

QCM 32 : ABC

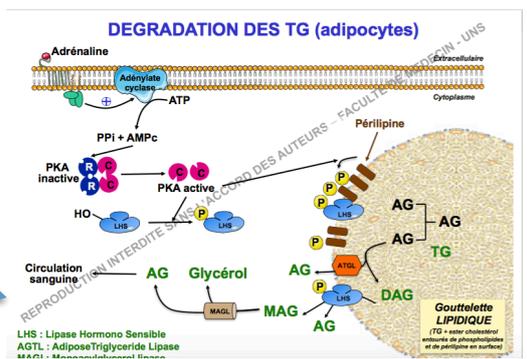
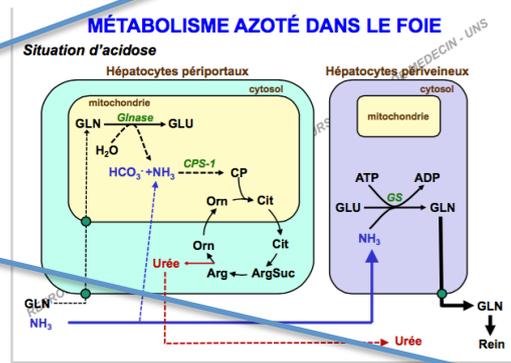
A) VRAI

B) VRAI

C) VRAI

D) FAUX

E) FAUX



QCM 33 : AB

A) VRAI

B) VRAI

C) FAUX

Décarboxylation oxydative du pyruvate

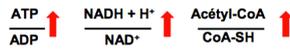
Réaction détaillée
 1ère étape : (E₁, utilise TPP comme coenzyme)
 Le pyruvate est décarboxylé pour donner un dérivé hydroxyéthyl lié au TPP
 * Etape la plus lente: c'est donc l'étape limitante de la réaction

Jeûne : Augmentation de la transcription des gènes codant pour la **PDH Kinase** qui augmente dans la plupart des tissus, y compris le muscle squelettique

E2 : Dihydrolipoyl transférase

- Acide lipoïque
- CoASH

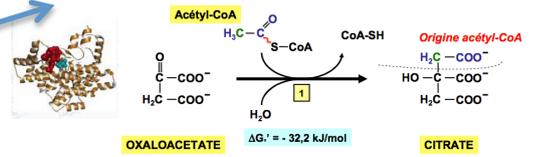
Contraction musculaire après une période de repos
 Au repos:
 - Pas de demande de production d'énergie



Ces ratios élevés stimulent l'activité de la **PDH kinase**

Le cycle du citrate : phase d'introduction (1)

Le produit de la réaction est le **citrate**, un composé ayant 6 Carbones
 Réaction très exergonique → elle se produit facilement même lorsque la concentration d'**oxaloacétate** est basse dans la mitochondrie
 Conséquences → la réaction est irréversible / CoA-SH est régénéré



D) FAUX

E) FAUX

QCM 34 : ABC

A) VRAI

B) VRAI

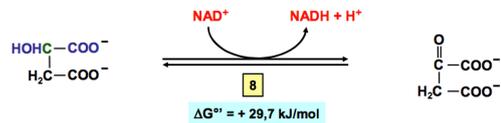
C) VRAI

D) FAUX :

E) FAUX :



3^{ème} NAD⁺ réduit en NADH



L-MALATE

OXALOACÉTATE

Citrate Synthase :

activateurs → ADP
 inhibiteurs → ATP, NADH, citrate, succinyl-CoA

Isocitrate déshydrogénase :

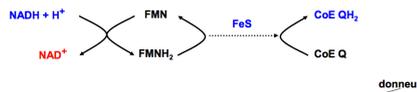
activateurs → ADP, Ca²⁺ (si isoforme musculaire)
 inhibiteurs → ATP

α-Cétoglutarate déshydrogénase :

activateurs → ADP, Ca²⁺ (si isoforme musculaire)
 inhibiteurs → ATP, NADH, succinyl-CoA

COMPLEXE I : NADH UBIQUINONE RÉDUCTASE

Catalyse le transfert des électrons du NADH + H⁺ à l'ubiquinone



COMPLEXE II : SUCCINATE UBIQUINONE RÉDUCTASE

Catalyse l'oxydation du succinate en fumarate

QCM 35 : ABCD

A) VRAI :

B) VRAI :

C) VRAI :

D) VRAI :

E) FAUX

C IV	Cytochrome C oxydase	non	a ; a ₃	oui	CN ; CO
------	----------------------	-----	--------------------	-----	---------

CN: cyanure
 CO: monoxide de carbon

23

LA CHAÎNE RESPIRATOIRE MITOCHONDRIALE

Formée de 4 complexes membranaires de transporteurs d'électrons ordonnés séquentiellement et reliés par 2 transporteurs mobiles d'électrons (le Coenzyme Q et le Cytochrome c) + ATP synthase

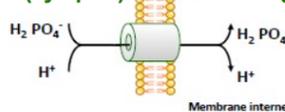
QCM 36 : AC

A) VRAI

• **Domaine Fo** → totalement transmembranaire

B) FAUX : Les symports n'utilisent pas d'ATP ce sont les antiports qui le font.

Pi: **phosphate translocase (symport): utilisation du gradient de protons**



C) VRAI

Oligomycine	Inhibe l'ATP synthase	Bloque la jonction Fo et F1
-------------	-----------------------	-----------------------------

D) FAUX dans le tissu adipeux brun

E) FAUX

