

UE1B – Biomolécules-Génome- Bioénergétique-Métabolisme

Colle de révision n° 1

Consignes de réponses : de 1 à 5 bonnes réponses

NOM :

Prénom :

Groupe :

Note :

Grille de réponses :

1	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	11	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	21	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
2	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	12	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	22	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
3	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	13	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	23	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
4	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	14	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	24	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
5	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	15	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	25	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
6	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	16	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	26	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
7	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	17	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	27	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
8	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	18	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	28	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
9	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	19	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	29	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E
10	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	20	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E	30	<input type="checkbox"/> A <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> C <input type="checkbox"/> D <input type="checkbox"/> E

QCM 1**Concernant la proline :**

- A : C'est un acide aminé essentiel
- B : Elle peut être hydroxylée dans certaines protéines
- C : Elle est présente en forte proportion dans les hélices α
- D : Elle est retrouvée dans les coudes
- E : C'est un acide aminé contenant une fonction amine secondaire

QCM 2

Soit une enzyme michaelienne caractérisée par un $K_M = 5 \text{ nmol/L}$, et catalysant une réaction à une vitesse initiale de $60 \text{ } \mu\text{mol/min}$ en présence de 15 nmol/L de substrat, et de $10 \text{ } \mu\text{mol/L}$ d'enzyme. Concernant cette enzyme :

- A : La vitesse maximale de l'enzyme à une concentration de $10 \text{ } \mu\text{mol/L}$ est égale à $120 \text{ } \mu\text{mol/min}$
- B : La vitesse maximale de l'enzyme à une concentration de $10 \text{ } \mu\text{mol/L}$ est égale à $80 \text{ } \mu\text{mol/min}$
- C : La vitesse maximale de l'enzyme à une concentration de $20 \text{ } \mu\text{mol/L}$ est égale à $120 \text{ } \mu\text{mol/min}$
- D : La vitesse maximale de l'enzyme à une concentration de $20 \text{ } \mu\text{mol/L}$ est égale à $40 \text{ } \mu\text{mol/min}$
- E : En présence d'un inhibiteur non compétitif, à une concentration d'enzyme de $10 \text{ } \mu\text{mol/L}$, la vitesse maximale de l'enzyme peut être égale à $60 \text{ } \mu\text{mol/min}$

QCM 3**Concernant la phosphofructokinase-1 (PFK-1) :**

- A : C'est une enzyme de la glycolyse et de la néoglucogenèse
- B : Elle permet la production d'ATP
- C : Elle catalyse une réaction irréversible
- D : Elle est inhibée par le fructose-2,6-bisphosphate
- E : Son activité phosphatase est stimulée par sa phosphorylation en présence de glucagon

QCM 4**Concernant la néoglucogenèse :**

- A : C'est une voie métabolique cytosolique et mitochondriale
- B : Les substrats de la néoglucogenèse sont les acides gras, le lactate et le glycérol
- C : La néoglucogenèse est présente en majorité dans les cellules hépatiques
- D : En situation de jeûne, elle permet de fournir du glucose aux organes gluco-dépendants
- E : Elle est inhibée lors d'une augmentation de l'AMPc consécutive à une stimulation par le glucagon

QCM 5**Concernant le métabolisme lipidique :**

- A : La β -oxydation des acides gras a lieu dans la mitochondrie des cellules hépatiques
- B : La β -oxydation des acides gras produit du malonyl-CoA et des coenzymes réduits
- C : Lors de la synthèse des acides gras, les unités dicarbonées sont apportées à l'acide gras synthase sous forme de malonyl-CoA
- D : L'acétyl-CoA carboxylase est une enzyme à biotine
- E : La synthèse des acides gras nécessite du NADH, H^+

QCM 6**Concernant le cycle de Krebs :**

- A : La réaction catalysée par l'isocitrate déshydrogénase est irréversible
- B : La citrate synthase est inhibée par le NADH, H^+
- C : Le NADH, H^+ produit par le cycle de Krebs est réoxydé au niveau du complexe I de la chaîne respiratoire mitochondriale
- D : La formation d'oxaloacétate à partir d'acétyl-CoA est une réaction anaplerotique du cycle de Krebs
- E : Une molécule d'acétyl-CoA entrant dans le cycle de Krebs fournit 2 NADH, H^+ et 2 $FADH_2$

QCM 7**Concernant l'adrénaline :**

- A : Elle est produite par la médullosurrénale en réponse à une diminution de la glycémie
- B : C'est une hormone hyperglycémisante
- C : C'est une hormone peptidique contenant 3 ponts disulfure
- D : Elle agit via l'augmentation de l'AMPc et l'activation de la PKA
- E : Elle inhibe la glycogénolyse musculaire

QCM 8**Concernant l'adénosine triphosphate (ATP) :**

- A : C'est un nucléotide retrouvé dans les fragments d'ADN
- B : Elle sert de substrat aux ARN polymérases
- C : La base qu'elle contient s'associe à la thymine grâce à 3 liaisons hydrogène
- D : Sa synthèse à partir du 5'-phosphoribosyl-1'-pyrophosphate (PRPP) nécessite l'intervention d'une Inosine 5'monophosphate (IMP) déshydrogénase
- E : Sa récupération à partir des bases puriques est favorisée par rapport à la synthèse *de novo*

QCM 9**A propos de la réplication dans les cellules eucaryotes :**

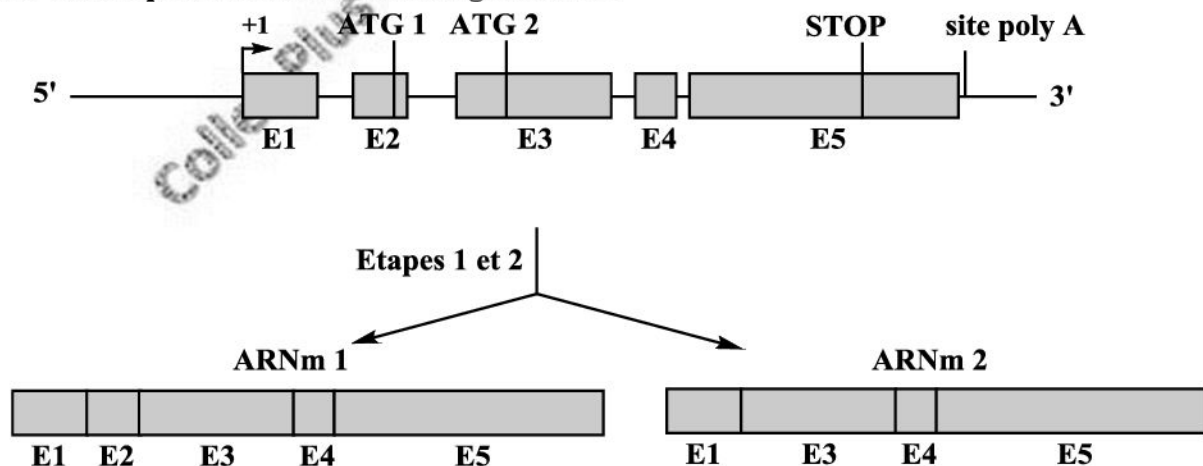
- A : La réplication est semi-conservative
- B : A partir d'une origine de réplication, une unique fourche se déplace vers l'extrémité du chromosome
- C : Le génome humain contient 46 origines de réplication
- D : La synthèse du brin direct fait intervenir l'ADN polymérase δ
- E : L'ADN polymérase α possède une activité ARN polymérase ADN dépendante

QCM 10

Les schémas suivants illustrent la structure du gène MBX ainsi que les 2 types d'ARNm produits à partir de ce gène.

Les protéines Mbx produites à partir de ce gène sont exprimées chacune dans un type cellulaire particulier. Dans les cellules hépatiques, la protéine Mbx produite est excrétée grâce à la présence d'un signal d'excrétion. Dans les cellules nerveuses, l'absence de signal d'excrétion a pour conséquence que la protéine Mbx reste cytosolique.

E1 à E5 représentent les exons du gène MBX.



- A : Les étapes 1 et 2 se déroulent dans le nucléoplasme
- B : Les ARNm 1 et 2 sont issus du même transcrit primaire
- C : Les ARNm 1 et 2 sont issus d'un promoteur alternatif
- D : Les extrémités N terminales des protéines issues des ARNm 1 et 2 sont identiques
- E : L'AUG 1 et l'AUG 2 sont en phase dans l'ARNm 1

QCM 11

Concernant la traduction et la régulation traductionnelle :

- A : Le code génétique est dégénéré
- B : Le codon AUG est reconnu par un ARNt-méthionine
- C : L'activité peptidyl-transférase est portée par la grande sous-unité des ribosomes
- D : Certains répresseurs de la traduction agissent en se fixant sur l'extrémité N terminale des protéines en cours de synthèse
- E : Une insertion de 2 bases dans la séquence codante d'un gène entraîne un décalage du cadre de lecture

QCM 12

A propos de la 8-oxoguanine :

- A : Elle peut apparaître suite à l'oxydation de la guanine par les espèces réactives de l'oxygène
- B : Elle peut entraîner une mutation à la réplication suivant son apparition
- C : Elle entraîne une transition si elle n'est pas réparée
- D : Elle peut être réparée par le système de réparation par excision de base BER
- E : Si la base altérée se situe dans un intron, elle sera toujours sans conséquence sur l'activité de la protéine

QCM 13 et 14

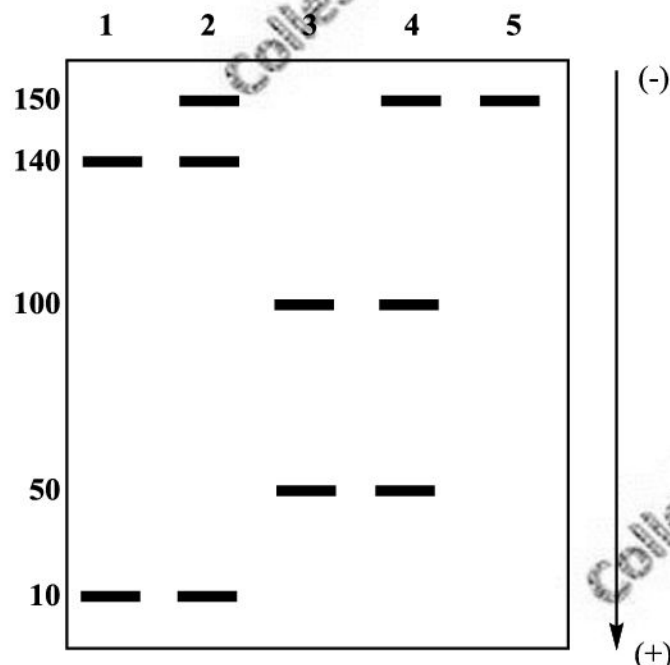
La protoporphyririe érythropoïétique (PPE) est une maladie génétique rare se manifestant principalement par une hypersensibilité à l'exposition solaire, entraînant de graves brûlures.

Dans la plupart des cas, la maladie est liée à des mutations sur le gène FECH, présent sur le chromosome 5, au niveau de 2 sites proches sur l'exon 2. Les 2 principales mutations connues sont de transmission autosomique récessive : allèles r1 et r2.

Les 2 positions variantes sur le gène FECH peuvent être étudiées par la technique de PCR-RFLP (PCR suivie d'une analyse par restriction). Pour cela l'exon 2 du gène FECH est amplifié sous forme d'un fragment d'ADN de 150 pb. Une enzyme de restriction est utilisée pour cette étude, BglII, reconnaissant la séquence AGATCT. Dans le tableau suivant est présenté le résumé de la présence des sites de coupure pour cette enzyme au niveau des 2 sites polymorphes de FECH (position 10 et position 100 du fragment de 150 pb amplifié par PCR) :

	Position 10	Position 100
Allèle sain	BglII	-
Allèle r1	-	-
Allèle r2	-	BglII

Les produits de l'analyse par PCR-RFLP sont analysés par électrophorèse en gel d'agarose et présentés ci-dessous. Les pistes 1 à 5 correspondent à des sujets différents et non apparentés. La taille des fragments est donnée en pb, le sens de migration est indiqué par une flèche verticale :



QCM 13

Concernant l'interprétation des résultats.

On considère que lorsque deux mutations sont présentes, elles ne sont pas sur le même allèle.

- A : Le profil 1 est celui d'un sujet homozygote
- B : Le profil 2 est celui d'un sujet hétérozygote composite
- C : Le profil 3 est celui d'un sujet homozygote pour une des mutations
- D : Le profil 4 correspond à celui d'un sujet atteint de protoporphyririe hématopoïétique
- E : Le profil 5 est celui d'un sujet porteur sain de la mutation r1

QCM 14

De nombreuses mutations différentes, mineures, touchant différents gènes, peuvent également induire une protoporphyririe hématopoïétique. Concernant les différentes techniques de biologie moléculaire :

- A : Le séquençage de nouvelle génération (NGS) est adapté à recherche de l'ensemble de ces mutations
- B : Une RT-PCR quantitative en temps réel permettra d'identifier certaines mutations chez les patients
- C : La technique de footprint (empreinte sur l'ADN) permet d'orienter le diagnostic des patients en caractérisant le gène touché par la mutation
- D : La discrimination allélique par PCR quantitative en temps réel peut être utilisée pour identifier les sujets hétérozygotes pour certaines mutations
- E : L'hybridation génomique comparative (CGH-array) permettra d'identifier des réarrangements des transcrits à l'origine de la pathologie