

UE1B – Biomolécules, génome,  
bioénergétique, métabolisme

## **Annales Classées Corrigées**

Protéines

**SUJET**

2019
------

**QCM 1****Les protéines peuvent être séparées en fonction de la taille par**

- A : focalisation isoélectrique
- B : électrophorèse en gel de polyacrylamide en présence de SDS
- C : chromatographie d'échange ionique
- D : chromatographie de filtration sur gel
- E : électrophorèse sur acétate de cellulose

**QCM 2****Concernant l'acide aminé sérine**

- A : C'est un acide aminé hydroxylé
- B : C'est un précurseur de la sérotonine
- C : Il peut être hydroxylé
- D : Il participe à la liaison N-glycosidique
- E : Il est présent dans des sites actifs enzymatiques où il peut être mis en évidence par le réactif de groupe DFP (disopropylfluorophosphate)

2018
------

**QCM 3****Concernant les structures des protéines**

- A - Une structure super-secondaire est une structure secondaire de grande taille
- B - Une hélice alpha comporte 3 résidus par tour
- C - Les hélices alpha sont riches en proline et hydroxyproline
- D - Le plissement des chaînes bêta se fait au niveau du carbone alpha
- E - Une structure tertiaire peut comporter des liaisons covalentes

**QCM 4****Concernant les méthodes de détermination de la masse moléculaire des protéines**

- A - Par électrophorèse sur un gel de polyacrylamide et en condition dénaturante (SDS), la distance de migration est proportionnelle au logarithme de la masse moléculaire
- B - Par filtration sur gel, le volume d'élution est une fonction linéaire inverse du logarithme de la masse moléculaire
- C - Par spectrométrie de masse de type Maldi, les protéines sont séparées sur la base du rapport masse sur charge
- D - La focalisation isoélectrique permet une séparation en fonction de la masse
- E - La filtration sur gel en présence d'agent dénaturant (SDS) permet de mesurer la masse des protéines natives

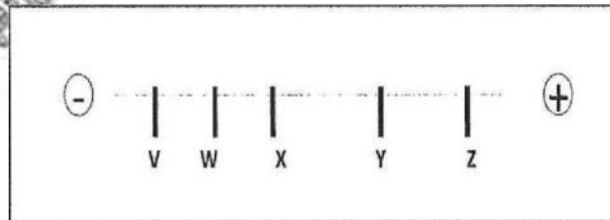
## QCM 5

Les 5 mutants de l'hémoglobine suivants comportent une simple substitution d'acide aminé :

HbD : Asn → Lys ; HbN : Lys → Glu ; HbJ : Gly → Asp ; HbC : Glu → Lys

Hb Sydney : Val → Ala

Ces 5 hémoglobines mutantes sont analysées par la technique d'électrophorèse sur acétate de cellulose à pH 7,4. L'hémoglobine A normale migre à la position X. En raisonnant sur les modifications de charges, identifier la position des 5 Hb mutantes.



- A - La bande V est l'HbD
- B - La bande W est l'HbC
- C - La bande X est l'Hb Sydney
- D - La bande Y est l'HbJ
- E - La bande Z est l'HbN

## QCM 6

Une purification de l'enzyme E est réalisée à partir d'un lysat cellulaire. Une première étape par chromatographie de filtration sur gel puis une deuxième étape par chromatographie d'affinité sont entreprises. A chaque étape sont mesurées l'activité enzymatique et les protéines totales suivant le tableau ci-dessous :

	Activité enzymatique (UI)	Protéines totales (mg)
Lysat	2000	100
Chromatographie de filtration sur gel	1600	10
Chromatographie d'affinité	640	1

- A - L'activité spécifique finale est de 640 UI/mg
- B - L'indice de purification après chromatographie de filtration sur gel est de 4
- C - L'indice de purification final est de 32
- D - Le rendement final est de 32%
- E - Le rendement de la deuxième étape est supérieur à celui de la première étape

2015

**QCM 20****Purification d'une protéine à activité enzymatique.**

L'activité enzymatique totale à partir d'un lysat cellulaire est de 1000 UI pour une quantité de protéine totale de 1 g. Après une première étape de purification (chromatographie d'exclusion) l'activité totale est de 500 UI pour une quantité de protéine totale de 100 mg. Après une deuxième étape de purification (chromatographie d'affinité) l'activité totale est de 100 UI et la quantité totale de protéine est de 1 mg.

- A Après la première étape de purification, l'activité spécifique est de 5 UI/mg
- B L'indice de purification de la première étape est de 5
- C Le rendement de purification de la première étape de chromatographie est de 50%
- D L'indice de purification final (après les deux étapes) est de 10
- E Le rendement de purification final (après les deux étapes) est de 10%

2013

**QCM 19****Concernant la structure des protéines**

- A La structure primaire d'une protéine est donnée par l'enchaînement des acides aminés
- B La structure en feuillet plissé bêta est stabilisée par des liaisons ioniques
- C La structure quaternaire d'une protéine résulte de l'association de plusieurs chaînes polypeptidiques
- D Les ponts disulfures sont rompus par des agents réducteurs
- E Un pont disulfure peut se former entre deux méthionines

2012

**QCM 15****A propos des protéines**

- A Les atomes impliqués dans la liaison peptidique se trouvent dans le même plan
- B Les feuillets  $\beta$  participent à la structure tridimensionnelle des protéines
- C Les hélices  $\alpha$  sont stabilisées par des liaisons hydrogène intracaténaïres
- D Toutes les protéines possèdent une structure quaternaire
- E La température peut modifier la structure tertiaire

2011

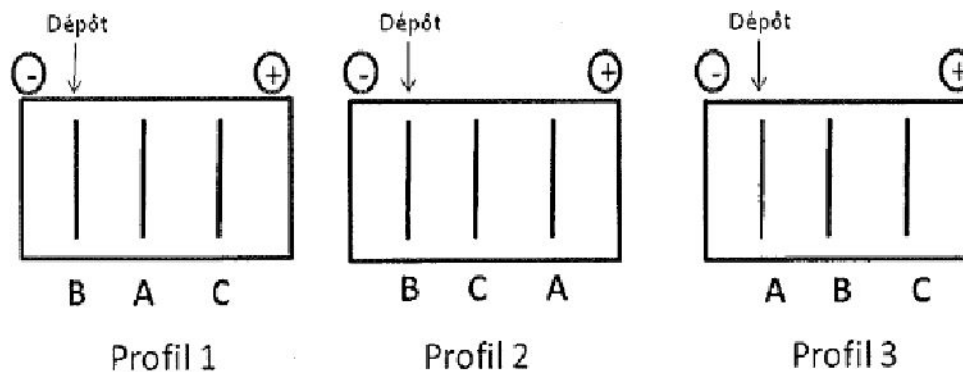
## QCM 18

- A La stabilité d'une protéine est assurée par les liaisons hydrogène
- B Un pont disulfure entre deux chaînes peptidiques peut être rompu des agents réducteurs
- C La structure tridimensionnelle d'une protéine est indispensable à son fonctionnement
- D Le phosphate de pyridoxal est indispensable au fonctionnement d'une transaminase
- E A la fin d'une réaction enzymatique réversible, l'enzyme se retrouve dans son état initial

2010

## QCM 17

Trois peptides A ( $pH_i=7$ ), B ( $pH_i=9,9$ ) et C ( $pH_i=4$ ) sont soumis à une électrophorèse, en tampon à pH 9,9. Dans ces conditions, trois profils de migration sont proposés :



- A Parmi les profils proposés, le profil 1 correspond aux conditions expérimentales définies
- B Parmi les profils proposés, le profil 2 correspond aux conditions expérimentales définies
- C Parmi les profils proposés, le profil 3 correspond aux conditions expérimentales définies
- D A  $pH = pH_i$ , la solubilité d'un peptide est minimale
- E A  $pH = 9,9$ , dans cette expérience, les fonctions acides des peptides A, B et C sont ionisées

## QCM 18 Structure des protéines

- A La dénaturation modifie la structure primaire
- B Les ponts disulfures sont rompus par des agents réducteurs
- C L'activité biologique d'une protéine dépend de sa conformation
- D Les liaisons hydrogène participent à la stabilité d'une protéine
- E Les lipoprotéines sont des holoprotéines