

# UE1B – Biomolécules-Génome- Bioénergétique-Métabolisme

Colles Plus

## Colle de révision n° 1 CORRIGE

Colles Plus

Colles Plus

**QCM 1**

- A. **Faux** : la proline n'est pas un acide aminé essentiel
- B. **Vrai**
- C. **Faux** : les hélices  $\alpha$  ne possèdent pas de proline
- D. **Vrai**
- E. **Vrai**

**QCM 2**

- Paramètres de l'enzyme :  $K_M = 5$ ,  $V_i = 60$  pour  $[S] = 15$   
 Formule de Michaelis :  $V_i = V_{max} [S] / (K_M + [S])$   
 $V_{max} = V_i \times (K_M + [S]) / [S] = 60 \times (5+15) / 15 = 4 \times 15 \times 20 / 15 = 4 \times 20 = 80 \mu\text{mol/min}$
- A. **Faux**
  - B. **Vrai**
  - C. **Faux** : pour une  $[E]$  doublée, la  $V_{max}$  est doublée  $= 80 \times 2 = 160 \mu\text{mol/min}$
  - D. **Faux**
  - E. **Vrai** : un inhibiteur non compétitif diminue la  $V_{max}$ , toutes les valeurs inférieures à  $80 \mu\text{mol/min}$  sont possibles

**QCM 3**

- A. **Faux** : c'est une enzyme de la glycolyse mais pas de la néoglucogenèse
- B. **Faux** : elle consomme de l'ATP
- C. **Vrai**
- D. **Faux** : elle est activée par le fructose-2,6-bisphosphate
- E. **Faux** : la PFK-1 n'est pas régulée par phosphorylation, et ne présente pas d'activité phosphatase

**QCM 4**

- A. **Vrai**
- B. **Faux** : Les substrats de la néoglucogenèse sont les acides aminés comme l'alanine, le lactate et le glycérol
- C. **Vrai**
- D. **Vrai**
- E. **Faux** : Elle est activée lors d'une augmentation de l'AMPc consécutive à une stimulation par le glucagon

**QCM 5**

- A. **Vrai**
- B. **Faux** : La  $\beta$ -oxydation des acides gras produit de l'acétyl-CoA et des coenzymes réduits
- C. **Vrai**
- D. **Vrai**
- E. **Faux** : La synthèse des acides gras nécessite du NADPH,  $H^+$

**QCM 6**

- A. **Vrai**
- B. **Vrai**
- C. **Vrai**
- D. **Faux** : La formation d'oxaloacétate à partir de pyruvate est une réaction anaplérotique du cycle de Krebs
- E. **Faux** : Une molécule d'acétyl-CoA entrant dans le cycle de Krebs fournit 3 NADH,  $H^+$  et 1  $FADH_2$

**QCM 7**

- A. **Faux** : Elle est produite par la médullosurrénale en réponse à une **stimulation par le système nerveux autonome**
- B. **Vrai**
- C. **Faux** : l'adrénaline est **dérivée d'un acide aminé**.
- D. **Vrai**
- E. **Faux** : Elle **active** la glycogénolyse musculaire

**QCM 8**

- A. **Faux** : C'est un nucléotide retrouvé dans les fragments **d'ARN** car il n'est pas désoxy
- B. **Vrai**
- C. **Faux** : La base qu'elle contient s'associe à la thymine grâce à **2 liaisons** hydrogène
- D. **Faux** : Sa synthèse à partir du 5'-phosphoribosyl-1'-pyrophosphate (PRPP) nécessite l'intervention d'une **adénosylsuccinate synthétase**
- E. **Vrai**

**QCM 9**

- A. **Vrai**
- B. **Faux** : A partir d'une origine de réplication, **2 fourches de réplication se déplacent en sens opposé**
- C. **Faux** : Le génome humain contient **plusieurs dizaines de milliers d'origines de réplication**
- D. **Vrai**
- E. **Vrai** : grâce à son activité primase

**QCM 10**

- A. **Vrai** : les étapes 1 et 2 correspondent à la transcription et à la maturation
- B. **Vrai** : car ils sont issus d'un épissage alternatif
- C. **Faux** : les transcrits 1 et 2 sont issus d'un **épissage alternatif**
- D. **Faux** : Les extrémités N terminales des protéines issues des ARNm 1 et 2 sont **différentes car elles n'utilisent pas le même ATG**. En effet l'ARNm 1 utilise l'ATG 1 et l'ARNm 2 utilise l'ATG car c'est le seul présent en absence de l'exon 2.
- E. **Vrai** : Un seul stop est présent dans le gène, permettant de produire des protéines Mbx, il faut donc que les 2 AUG soient en phase

**QCM 11**

- A. **Vrai**
- B. **Vrai**
- C. **Vrai**
- D. **Faux** : Certains répresseurs de la traduction agissent en se fixant sur l'extrémité **5'** des ARNm
- E. **Vrai**

**QCM 12**

- A. **Vrai**
- B. **Faux** : la 8-oxoguanine entraîne d'abord un **mésappariement** puis une mutation à la réplication suivante si elle n'est pas réparée
- C. **Faux** : Elle entraîne une **transversion (G→T)** si elle n'est pas réparée
- D. **Vrai**
- E. **Faux** : elle peut avoir une conséquence si elle touche les sites consensus d'épissage

## QCM 13

**Profil attendu pour chaque allèle :**

Allèle sain :	coupure en position 10	→ 10 + 140 pb
Allèle r1 :	pas de coupure	→ 150 pb
Allèle r2 :	coupure en position 100	→ 100 + 50 pb

**Interprétation des profils :**

Sujet 1 :	140 + 10	→ homozygote sain
Sujet 2 :	150 + 140 + 10	→ Hétérozygote sain / r1
Sujet 3 :	100 + 50	→ homozygote r2/r2
Sujet 4 :	150 + 100 + 50	→ Hétérozygote composite r1/r2
Sujet 5 :	150	→ homozygote r1/r1

A. Vrai : il est homozygote sain / sain

B. Faux : Le profil 2 est celui d'un sujet hétérozygote mais pas composite car il possède l'allèle sain

C. Vrai

D. Vrai : car il est hétérozygote composite

E. Faux : le profil 5 est celui d'un homozygote malade, porteur de la mutation r1

## QCM 14

A. Vrai

B. Faux : une RT-PCR en temps réel ne permet pas d'identifier les mutations

C. Faux : la technique de footprint ne permet pas d'identifier les mutations

D. Vrai

E. Faux : L'hybridation génomique comparative (CGH-array) permettra d'identifier des réarrangements du génome à l'origine de la pathologie