

EPREUVE DE BIOCHIMIE ET BIOLOGIE MOLECULAIRE

Question n°1

Parmi les propositions suivantes, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. La thymine et la guanine sont les deux bases puriques de l'ADN
- B. Le 2' désoxyribose est le pentose de l'ARN
- C. Une des caractéristiques de l'ADN est d'être un polymère constitué d'un nombre extrêmement élevé de nucléotides : un chromosome peut atteindre le milliard de paires de bases
- D. La traduction est le passage de l'ADN à l'ARN
- E. La taille de l'ADN d'un virus est généralement de l'ordre du millier de paires de bases

Question n°2

Parmi les propositions suivantes, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. Les bases de la double hélice d'ADN absorbent plus de lumière UV que ne le font les bases quand l'ADN est simple brin
- B. La double hélice de l'ADN peut être dénaturée de façon réversible
- C. La dénaturation de l'ADN par la chaleur est un phénomène coopératif
- D. La température de dénaturation d'une molécule d'ADN est indépendante de la composition en bases mais dépend simplement de la longueur de la molécule
- E. Le processus de dénaturation de la double hélice d'ADN dans la cellule requiert de l'énergie

Question n°3

Parmi les propositions suivantes, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. Les mutations spontanées sont représentées uniquement par les erreurs de réplication
- B. Après la survenue d'une erreur lors d'une réplication de l'ADN, une molécule d'ADN sur les deux produits lors de la réplication suivante aura fixé la mutation
- C. La substitution d'une adénine par une guanine est une transition
- D. La substitution d'une thymine par une cytosine est une transversion
- E. Les microsatellites sont une source de polymorphisme de l'ADN dans l'espèce humaine

Question n°4

Parmi les propositions suivantes, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. La dépurination conduit à un arrêt de la réplication
- B. La désamination oxydative de la cytosine conduit à une transversion
- C. Le 5-bromouracile est un agent mutagène car il a tendance à être plus fréquemment sous forme cétone que la thymine
- D. La désamination de l'adénine par l'acide nitreux conduit à une transition A-G → G-C
- E. L'inactivation par les UV entraîne deux liaisons covalentes entre deux résidus pyrimidiques adjacents le long du brin d'ADN

Question n°5

Parmi les propositions suivantes, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. Le système de réparation des mésappariements (SRM) détecte les erreurs de réplication : bases mal appariées et petites mutations/délétions de 1 à 3 nucléotides
- B. Chez la bactérie *Escherichia Coli*, le SRM est composé de trois protéines principales : MutS, MutL et MutH
- C. Des mutations dans les gènes humains homologues des gènes codant pour les protéines MutS et MutL chez *Escherichia Coli* entraînent une forme particulière de cancer du colon
- D. Des mutations dans le gène codant pour la protéine MutS chez les bactéries peuvent leur être avantageuses dans certaines conditions comme les traitements antibiotiques
- E. Pour que SRM puisse fonctionner, il faut qu'il ait un moyen de reconnaître le brin néosynthétisé

Question n°6

Parmi les propositions suivantes, lesquelles sont EXACTES ?

- A. Thymine et uracile se différencient par la présence d'un groupe méthyl ou d'un hydrogène sur le carbone 5
- B. L'uracile ADN glycosylase reconnaît l'uracile comme étranger à l'ADN
- C. La désamination oxydative de la cytosine conduit à l'uracile
- D. Le groupe méthyl sur la thymine est un marqueur qui distingue la thymine de la cytosine désaminée
- E. L'ARN n'étant pas réparé, l'uracile peut y être utilisée comme base

Question n°7

Parmi les propositions suivantes, lesquelles sont EXACTES ?

- A. La méthode de séquençage de l'ADN de Sanger utilise des 2' 5' didésoxyribonucléosides triphosphates
- B. La méthode de séquençage de Sanger et la "*Polymerase Chain Reaction*" (PCR) utilisent les 4 désoxyribonucléotides triphosphates
- C. Deux amorces d'ADN simple brin sont nécessaires dans la PCR alors qu'une seule est nécessaire dans la méthode de séquençage de Sanger
- D. La PCR est un examen de routine dans les laboratoires hospitaliers
- E. Le niveau d'expression de très nombreux gènes dans un tissu peut être étudié grâce au principe d'hybridation d'ADN complémentaires sur des oligonucléotides fixés à une lame de verre

Question n°8

Parmi les propositions suivantes concernant les acides aminés, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. Ils possèdent tous au moins une fonction amine et une fonction acide
- B. Les 20 acides aminés entrant dans la composition des protéines se différencient les uns des autres par leur chaîne latérale.
- C. La glycine est le seul acide aminé sans chaîne latérale.
- D. Selon les acides aminés, la chaîne latérale peut être polaire ou hydrophobe.
- E. Les chaînes latérales hydrophobes peuvent être chargées ou non chargées.

Question n°9

Parmi les propositions suivantes concernant l'asparagine, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. Elle possède un groupement amide sur sa chaîne latérale
- B. A pH = 2, ce groupement amide est protoné
- C. Son pHi est voisin de 3
- D. Elle est fixée sur une colonne échangeuse de cations à pH = 2
- E. C'est un acide aminé essentiel

Question n°10

Un mélange des trois acides aminés Glu, Thr et Lys est soumis à une chromatographie sur échangeuse de cations. Indiquez la (ou les) proposition(s) exacte(s).

- A. La résine (phase stationnaire) porte des charges négatives
- B. Le dépôt de l'échantillon est réalisé à pH acide de façon à ce que les acides aminés soient sous forme protonée
- C. L'élution est réalisée en diminuant progressivement le pH
- D. L'élution est suivie au cours du temps par mesure de l'absorbance en sortie de colonne
- E. L'ordre d'élution de la colonne est : Lys, Thr, Glu

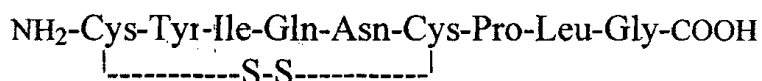
Question n°11

Parmi les propositions suivantes concernant la liaison peptidique, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. C'est une liaison amide
- B. Elle s'établit entre la fonction carboxyle portée par le carbone α d'un acide aminé et la fonction amine portée par le carbone α de l'acide aminé suivant dans la chaîne peptidique
- C. La Pro impose un angle particulier aux liaisons peptidiques auxquelles elle participe
- D. Les liaisons peptidiques peuvent être clivées par HCl 6N ou par des protéases à 110°C
- E. Les liaisons peptidiques impliquant la Met, peuvent être clivées par le bromure de cyanogène (BrCN)

Question n°12

L'ocytocine est un nonapeptide dont la structure est la suivante :



Parmi les propositions suivantes, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. L'ocytocine est chargée positivement à pH 7,0
- B. La réduction par le β -mercaptoéthanol libère deux peptides
- C. Après réduction par le β -mercaptoéthanol, la chymotrypsine libère deux peptides
- D. L'action d'une aminopeptidase produit une Cys libre, identifiable par CLHP.
- E. L'action d'une carboxypeptidase produit une Gly libre, identifiable par CLHP.

Question n°13

Parmi les propositions suivantes concernant les peptides à activité biologique, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. Le glutathion est un tripeptide se caractérisant par une liaison "pseudopeptidique" entre deux des acides aminés qui le constituent
- B. Le glutathion réduit a un rôle antioxydant
- C. Vasopressine et ocytocine sont deux peptides à action hormonale sécrétés par la thyroïde
- D. L'insuline est une hormone peptidique hypoglycémisante sécrétée sous forme d'un précurseur inactif qui subit une maturation protéolytique post-traductionnelle avant d'acquérir son activité hormonale
- E. L'hepcidine est un peptide sécrété par le foie qui inhibe l'absorption intestinale du fer ; son déficit entraîne une surcharge en fer

Question n°14

Parmi les propositions suivantes, concernant les protéines, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. La structure primaire d'une protéine (ou séquence) est définie par l'ordre des acides aminés de l'extrémité N-terminale vers l'extrémité C-terminale
- B. Hélice α et feuillet plissé β sont deux éléments caractérisant la structure quaternaire
- C. La kératine, riche en hélices α appartient à la classe des protéines fibreuses
- D. Le repliement de la chaîne protéique dans l'espace est facilité par des protéines "chaperons"
- E. La structure tertiaire est stabilisée exclusivement par des liaisons non covalentes de type : liaison ionique, liaison hydrogène ou interactions hydrophobes

Question n°15

Parmi les propositions suivantes, concernant les protéines, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. Certaines protéines possèdent des "modules" structuraux correspondant à une fonction spécifique, appelés aussi domaines fonctionnels
- B. Ces domaines fonctionnels peuvent être retrouvés dans des protéines différentes et sont le reflet d'une séquence ancestrale commune qui s'est dupliquée dans différents gènes au cours de l'évolution
- C. Les domaines "à doigts de zinc" sont des domaines de fixation d'une protéine à l'ADN ; ils sont typiquement rencontrés dans les protéines impliquées dans la réplication de l'ADN
- D. Les anticorps (immunoglobulines) sont composés de domaines "constants" et de domaines "variables"
- E. L'antigène est reconnu et fixé par les domaines "variables" ; la variabilité de ces domaines permet à l'organisme de réagir à la variabilité extrême et imprévisible des antigènes qui nous agressent

Question n°16

Parmi les propositions suivantes, concernant les méthodes d'exploration des protéines, laquelle ou lesquelles est ou sont exacte(s) ?

- A. La chromatographie d'exclusion (filtration sur gel) est une méthode aussi bien analytique que préparative ; elle sépare les protéines en fonction de leur taille
- B. La chromatographie de partage sépare les protéines en fonction de leur structure monomérique ou polymérique
- C. Deux techniques permettent de séparer les protéines en fonction de leur charge : la chromatographie par échange d'ions et l'électrophorèse en milieu non dénaturant
- D. La chromatographie d'affinité est plus souvent utilisée à titre préparatif ; elle utilise la capacité de la protéine que l'on souhaite purifier à reconnaître spécifiquement un ligand donné
- E. Comme la filtration sur gel, l'électrophorèse en gel de polyacrylamide en présence de SDS (PAGE-SDS) sépare les protéines en fonction de leur taille ; une protéine monomérique donnée de petite taille sera rapidement éluée d'une colonne de gel filtration et migrera rapidement dans le gel d'électrophorèse

Question n°17

Parmi les propositions suivantes concernant les enzymes, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. Elles sont les catalyseurs des réactions biologiques
- B. Elles appartiennent à une seule classe de macromolécules : les protéines
- C. Les ribonucléases sont des enzymes de dégradation des ARN
- D. Les ribozymes sont des enzymes du métabolisme du ribose
- E. Les enzymes sont les acteurs essentiels de la régulation des métabolismes

Question n°18

Parmi les propositions suivantes, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. L'énergie d'activation permet d'atteindre l'état de transition pendant lequel la transformation de S en P est possible
- B. Plus l'énergie libre de l'état de transition est élevée, plus la réaction est rapide
- C. Les enzymes diminuent l'énergie d'activation de la réaction catalysée
- D. L'énergie libre de l'état de transition est inférieure à celle de S
- E. L'énergie libre de P est inférieure à celle de S

Question n°19

Parmi les propositions suivantes concernant la constante de Michaelis (K_m), laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. Elle est le reflet direct de l'activité du site catalytique de l'enzyme
- B. Elle est le reflet inverse de l'affinité de l'enzyme pour le substrat
- C. Pour une enzyme donnée, c'est une vraie constante, indépendante de la concentration de S et de E
- D. Pour une enzyme donnée, c'est bien une constante indépendante de la concentration de S, mais qui varie proportionnellement à la concentration de E
- E. Elle a pour dimension une concentration





Question n°20

On a déterminé les constantes cinétiques d'une enzyme hépatique à une concentration $[E]_1$ correspondant à la moitié de celle existant dans l'hépatocyte $[E]_2$ ($[E]_1 = \frac{1}{2} [E]_2$) : $K_m = 2,2 \cdot 10^{-5} M$ et $V_{max} = 4,4 \text{ nmol/mn}$. Sachant que, dans l'hépatocyte, la concentration de S est d'environ $50 \cdot 10^{-5} M$, quelle sera sa vitesse de transformation en P ?

- A. 1,1 nmol/mn
- B. 2,2 nmol/mn
- C. 4,4 nmol/mn
- D. 8,8 nmol/mn
- E. impossible à déterminer avec ces données

Question n°21

La lactate deshydrogénase (LDH) qui catalyse la réaction réversible pyruvate \leftrightarrow lactate est présente dans toutes les cellules. La réaction pyruvate \rightarrow lactate est une "impasse" métabolique et n'a lieu que dans des conditions anaérobies et en aérobie, le pyruvate se dirige vers le cycle de Krebs. La LDH est composée de 4 sous-unités très homologues de type H (*heart*) ou M (*muscle*). La composition du tétramère de LDH varie selon les tissus, les extrêmes étant H4 dans le cœur et M4 dans le muscle (et le foie). Les formes H4 et M4 se différencient par leurs affinités respectives pour le lactate et le pyruvate :

	Forme H4 (cœur)	Forme M4 (muscle)
Km pour le lactate		
Km pour le pyruvate		

En raisonnant sur ces données, laquelle ou lesquelles des propositions suivantes est (sont) exacte(s) ?

- A. Dans le muscle réaction pyruvate \rightarrow lactate est facile
- B. Dans le coeur réaction pyruvate \rightarrow lactate est facile
- C. Le muscle est un organe supportant facilement des périodes d'anaérobie
- D. Le cœur est un organe supportant facilement des périodes d'anaérobie
- E. En anaérobie, le muscle accumule le lactate

Question n°22

En étudiant la physiopathologie d'une maladie hépatique grave, vous avez observé une augmentation importante de P, produit de la transformation de S par l'enzyme E dans l'hépatocyte. Vous faites l'hypothèse qu'inhiber E pourrait constituer une voie thérapeutique pour cette maladie. Vous disposez des données suivantes :

- 1) E est une enzyme monomérique
- 2) à une concentration de E identique à celle existant dans l'hépatocyte, $K_m = 2 \cdot 10^{-5} M$ et $V_{max} = 230 \mu\text{mol/mn}$
- 3) la concentration de S dans l'hépatocyte est de $150 \cdot 10^{-5} M$

Parmi les composés suivants, lequel ou lesquels choisiriez-vous pour conduire un essai thérapeutique dans la maladie que vous étudiez ?

- A. un inhibiteur compétitif de E
- B. un inhibiteur non compétitif de E
- C. un activateur de E
- D. un inhibiteur allostérique de E
- E. un analogue non métabolisable de P

Question n°23

Parmi les propositions suivantes concernant les activateurs allostériques, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. Ils présentent une analogie structurale avec le substrat
- B. Ils se fixent au niveau du site actif
- C. Ils se fixent au niveau d'un site régulateur spécifique
- D. Ils exercent un effet homotrope positif
- E. Ils exercent un effet hétérotrope positif

Question n°24

Parmi les propositions suivantes concernant l'hémoglobine (Hb), laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. Chaque molécule est un tétramère de structure $\alpha_2\beta_2$ pour l'HbA de l'adulte
- B. Chaque sous-unité est constituée de 8 hélices α et de 2 feuillets plissés β qui tapissent la poche de l'hème
- C. Chaque molécule d'Hb est capable de fixer 4 molécules d'O₂
- D. Le rôle de transporteur de l'Hb se manifeste par sa capacité à fixer l'O₂ au niveau des poumons et à le relâcher au niveau des tissus
- E. La p50 reflète directement l'affinité de l'Hb pour l'O₂ ; une p50 élevée traduit une forte capacité de fixation d'O₂

Question n°25

Parmi les propositions suivantes concernant l'Hb, laquelle ou lesquelles est (sont) exacte(s) ?

- A. C'est une protéine allostérique existant sous deux configurations R et T
- B. La forme T a une forte affinité à la fois pour l'O₂ et pour les ligands régulateurs : 2,3 BPG et H⁺
- C. Le 2,3 BPG exerce un effet hétérotrope négatif sur la fixation d'O₂.
- D. Au niveau des tissus, la pO₂ basse, la pCO₂ élevée et le pH bas concordent tous pour faciliter la libération d'O₂
- E. Dans des conditions d'hypoxie, le 2,3 BPG augmente pour augmenter la fixation d'O₂ au niveau pulmonaire

CORRIGE BIOCHIMIE – BIOLOGIE MOLECULAIRE

1/ C et E : La guanine est une base purique, le ribose est le sucre de l'ARN, le chromosome le plus long atteint 1 milliard de paire de base (il l'a dit), la transcription est le passage ADN==> ARN et la taille d'un virus est de l'ordre du millier de paire de base (5000-6000)

2/ B – C et E : Les bases de l'ADN simple brin absorbent plus que les double-brins (hyperchromisme), la double-hélice peut être dénaturée de façon réversible par la chaleur, c'est un phénomène coopératif, le % de GC influe sur la Tm, et dans la cellule cette dénaturation est faite à température constante avec des hélicases utilisant de l'ATP (pour l'anecdote « marrante » en biocell c'était sans ATP ^^)

3/ B – C et E : les hydrolyses sont aussi des mutations spontanées, une erreur de réplication va modifier un brin sur 2 par la suite (le brin modifié ne donnera que des brins modifiés, mais le brin conservé que des normaux, donc 1/2), A==G : transition, T==> C : transition, et les microsatellites sont bien une source de polymorphisme dans l'espèce humaine !

4/ A et E : La dépurination bloque réplication et transcription, désaminer la cytosine c'est donc obtenir un uracile on passe donc de C-G à U-A puis T-A on a eu C==>T et G==>A c'est bien une transition. Le 5BU est plus souvent sous forme énole que la thymine (forme minoritaire cependant). A-G c'est impossible, on passe en fait de A-T à G-C ce qui est une transition en effet. Enfin l'UV provoque « l'inactivation de l'ADN en bloquant réplication et transcription du fait des liaisons entre les C5 et les C6 de deux thymines adjacentes (2 liaisons donc)

5/ A – B – C – D et E : le SRM détecte les mésappariements et les insertions/délétions de 1-3 nucléotides, chez E. Coli c'est composé de Mut S/H/L, leurs homologues mutés (hMSH2 et hMLH1) provoquent le syndrome de Lynch : cancer colorectal héréditaire, Mut S inactivé permet aux bactéries de devenir résistantes aux antibiotiques, et le SRM doit reconnaître le brin néosynthétisé qui est celui qui n'est pas méthylé !

6/ A – B – C – D et E : La A je passe, L'uracile ADN glycosylase scanne l'ADN et quand elle voit qu'en C5 y'a un H et pas un CH3, elle sabre, C== désamination oxydative==> U, et effectivement l'ARN n'a pas besoin d'être sûr à 100% car non réparé et donc pas présent longtemps !

7/ B – C – D et E : La méthode de Sanger utilise des 2'3' didésoxyribonucléotides, la PCR utilise les 4 dNTP, la PCR consiste à copier du double brin, la méthode de Sanger à faire une séquence complémentaire, le nombre d'amorce est donc juste, « méthode très utilisée en routine médicale » (Denamur) 📖, la E est la définition de la technique d'hybridation ! Néanmoins, d'après Solène : "c'est les 4 désoxyribonucléosides triphosphates et non pas désoxyribonucléotides triphosphates. Il a beaucoup insisté dessus, on ne peut donc pas la considérer juste" A vous de juger

8/ A – B – C et D : Tous les AA possèdent un COO⁻ et un NH⁺₃, ils sont tous différents par leur chaîne latérale, et la glycine n'en a pas (un H n'est pas une chaîne latérale), la chaîne latérale peut être hydrophobe ou polaire chargée ou pas !

9/ A et D : L'asparagine possède bien un groupement amide sur sa chaîne latérale, et celui-ci n'est jamais chargé (même à pH 2 ^^), son pHi est de 6 et elle est donc fixée sur une résine d'anion (donc échangeuse de cations ^^) à pH = 2, et c'est un acide aminé même pas semi-indispensable 😊

10/ A – B et D : Une résine échangeuse de cations est donc chargée négativement, le dépôt est fait à pH = 2 environ pour être sûr que tous les AA sont accrochés, puis on élue en augmentant le pH et on mesure l'absorbance dehors (principe de la CLHP), et l'ordre d'élution est donc Glu, Thr et Lys !

11/ A – B – C et E : la liaison peptidique est en effet une liaison amide entre le COOH d'un aa et le NH₂ de l'AA suivant, la proline perturbe les chaînes alpha car pas d'angle ϕ ! Les protéases ça fonctionne moins bien à 110°C généralement, et le BrCN casse bien les liaisons peptidiques derrière Met

12/ C et E : Aucun acide aminé acide ou basique, donc pHi = 6 et à pH = 7 l'ocytocine est négative, la réduction par le β -mercaptoéthanol va casser le pont disulfure mais ça va rien faire d'autre... Mais par la suite la chymotrypsine va casser derrière Tyr et libérer 2 peptides. La D est fautive car le pont disulfure va empêcher toute libération !

13/ A – B – D et E : Le glutathion a une liaison pseudopeptidique entre ses deux premiers AA, le GSH a un rôle antioxydant, ocytocine et vasopressine sont secrétées par la post-hypophyse, l'insuline doit subir le clivage du peptide C pour être fonctionnelle, et l'hepcidine est secrétée par le foie et inhibe l'absorption intestinale en fer !

14/ A – C et D : La structure primaire est l'enchaînement des AA. Les hélices α et les feuillets β définissent la structure secondaire, la kératine est riche en hélices α et est donc une protéine fibreuse, les protéines chaperonnes facilitent le repliement et la maturation des protéines et la structure tertiaire est stabilisée également par des liaisons métalliques (zinc) et des ponts disulfures

15/ A – B – D et E : Beaucoup de protéines partagent un ou plusieurs domaines communs, les Ig en sont un exemple, la différence a pu provenir de l'évolution. Les domaines à doigt de zinc sont retrouvés dans les protéines réalisant des TRANSCRIPTION ou les bloquant, pas la réplication, les Ac possèdent des domaines constants (Fc) et variables (Fab), ce sont les Fab qui reconnaissent l'antigène sous sa forme native

16/ A – C – D (note importante : pour celle-ci, une partie n'a été dite qu'à l'oral, je ne peux pas être sûr à 100% de mes souvenirs). La chromatographie de partage sépare les protéines en fonction de l'hydrophobicité de leurs AA

La E est assurément fautive (principe différent concernant la taille)

17/ A – C et E (je rigolais quand je cochais « ace » je pensais à Roland Garros... ok je sais c'est pathétique de penser à ça pendant le concours 🤪) : toutes enzymes sont des catalyseurs mais tous les catalyseurs ne sont pas des enzymes, on peut en avoir des exclusivement en ARN (ribosyme qui ne s'occupent que de la maturation des ARN/protéines) ou d'autres, à base protéique qui réguleront le métabolisme

18/ A – C et E : L'énergie d'activation c'est le col qui permet ensuite de glisser de S vers P, c'est l'atteindre qui est chiant, l'enzyme elle va en gros réduire l'altitude du col. L'énergie libre de l'état de transition est toujours supérieur à celui de P ainsi que S. La B est fautive, car plus l'énergie de transition est élevée plus elle est difficile à atteindre, donc plus la réaction est lente. Et la C est vraie, c'est l'action principale d'une enzyme.

La E est vraie selon le schéma également, seulement ça dépend des réactions, certainement peuvent former des composés moins stables que le substrat, donc avec un G° plus élevé.

19/ B - C et E : La K_m reflète le site de fixation et la V_{max} le site catalytique, plus la K_m est basse et plus l'affinité est forte, c'est une vraie constante indépendante de $[E]$ et $[S]$ et elle a pour dimension une concentration (mmol/L)

20/ D : $[S]$ était largement saturant, on pouvait donc multiplier par 2 sans soucis et obtenir 8,8 nmol/min

21/ A – C et E : Le muscle la K_m est faible pour le pyruvate donc ça va dans le sens pyruvate ==> lactate très facilement (surtout quand on sait sa métabo ^^), le cœur c'est le sens inverse, sauf qu'en anaérobic, le sens inverse est pas possible. Donc le muscle va bien supporter l'anaérobic (d'autant qu'il est bourré de myoglobine) mais accumuler le lactate (pour ça que faut bien respirer en courant, sinon crampes), et le cœur lui aime pas du tout !

22/ B : l'unique difficulté consistait à ne pas se faire avoir par la nature de l'enzyme... Elle a une K_m dont c'est une enzyme michaelienne, donc déjà on vire C et D. Ensuite vu que S est ultra saturant, un inhibiteur compétitif servirait à rien (comme saler la mer pour augmenter sa teneur en sel ^^), donc il fallait un inhibiteur non compétitif. Dernier vieux piège, le coup de la rétro-inhibition par le produit... qui n'existe pas pour les enzymes michaeliennes 😊

23/ C et E : Les activateurs allostériques se fixent sur un site différent du substrat, ne lui ressemblent pas, ont un site de fixation spécifique et ont un effet hétérotrope positif

24/ A – C et D : chaque sous unité ne possède que 8 hélices α mais pas de feuillets β , chaque molécule d'Hb possède 4Fe²⁺ donc peut fixer 4O₂, son rôle est bien défini par la D, et plus la P50 est élevée et plus l'Hb a du mal à fixer l'O₂

25/ A – C et D : Léger doute pour la A, vu qu'on est sous modèle séquentiel, elle existe peut être sous forme mixte, je sais pas ce qu'a voulu dire le prof par là... la forme T aime pas l'O₂, le 2,3BPG idem (inhibiteur allostérique = effet hétérotrope négatif), quand PO₂ est basse, pCO₂ élevée et pH bas, l'affinité de l'Hb pour l'O₂ est ultra-faible, donc ça relâche bien et c'est le but ! En hypoxie, le 2,3 BPG augmente, mais justement pour permettre de relâcher un maximum d'O₂ une fois au niveau des tissus donc baisse d'affinité

Ce document, ainsi que l'intégralité des cours de P1, sont disponibles gratuitement à l'adresse suivante : <http://cours1bichat-larib.weebly.com>