

1. Soit un dipeptide formé de 7 aa, la nature des aa qui le compose est la suivante: asp, leu, met, lys, phe et tyr.

- le traitement par la trypsine est sans effet
- le traitement par la chymotrypsine libère plusieurs fragments dont un dipeptide et un tetrapeptide qui contient : leu, lys et met.
- le traitement par le CNBr libère dipeptide, un tetrapeptide et la lys.

Quelle est la séquence du peptide de départ ?

- X phe-tyr-asp-leu-met-met-lys
X phe-leu-asp-tyr-met-met-lys
X phe-asp-met-met-tyr-leu-lys
D phe-asp-tyr-met-leu-met-lys
X phe-leu-met-met-tyr-asp-lys

2. soit un octapeptide dont l'hydrolyse totale donne les aa suivants : 2ala, asp, arg, met, val et 2tyr.

- une hydrolyse acide partielle (information simple) libère le dipeptide suivant : ala-val
- le traitement par la chymotrypsine, libère 2 tetrapeptides renfermant chacun 1 ala.
- le traitement par la trypsine de l'un des 2 tetrapeptides libérés par la chymotrypsine, donne 2 dipeptides.
- le traitement par le CNBr du même tetrapeptide libère un tripeptide et la tyr.
- l'aa Nt de l'autre tetrapeptide est asp.

Quelle est la séquence du peptide de départ ?

- X asp-val-ala-tyr-arg-ala-tyr-met
B. asp-ala-tyr-arg-tyr-ala-val-met
C asp-ala-val-tyr-ala-arg-met-tyr
D. ala-val-tyr-ala-asp-arg-met-tyr
E. ala-val-tyr-asp-ala-arg-met-tyr

3. soit un octapeptide dont l'hydrolyse totale donne les aa suivants : 2arg, gly, lys, met, phe, tyr et trp

- le traitement par le CNBr libère un pentapeptide et un tripeptide qui contient la phe.
- le traitement par la chymotrypsine, libère 1 tetrapeptide (dont l'aa Ct est trp) et 2 dipeptides.
- le traitement par la trypsine libère un tetrapeptide, un dipeptide ainsi que phe et lys

- Le traitement par un endopeptidase : coupe du coté COOH de l'arg) libère un pentapeptide, un dipeptide et phe.

- l'aa Nt de cet octapeptide est gly. Quelle est la séquence du peptide de départ ?

- X gly-lys-met-arg-arg-trp-tyr-phe
D gly-arg-lys-trp-met-tyr-arg-phe
X gly-met-arg-tyr-lys-arg-trp-phe
X gly-lys-arg-trp-tyr-met-arg-phe
X gly-trp-lys-met-arg-arg-tyr-phe

4. soit un octapeptide dont l'hydrolyse totale donne les aa suivants : 2gly, lys, met, pro, arg, trp et tyr

- l'aa Nt de cet octapeptide est gly.
- le traitement par le CNBr libère 2 tetrapeptides.
- le traitement par la carboxypeptidase C n'a pas eu d'effet.
- le traitement par la trypsine libère 2 tripeptides et 1 dipeptide.
- le traitement par la chymotrypsine, libère 2 tripeptides et 1 dipeptide (dont l'hydrolyse acide révèle la gly).
- le traitement par la Clostropaine (Endopeptidase : coupe du coté COOH de l'arg), libère 1 pentapeptide et 1 tripeptide. Quelle est la séquence du peptide de départ ?

- A gly-trp-arg-met-tyr-lys-gly-pro
X gly-arg-trp-tyr-met-gly-lys-pro
C. gly-trp-tyr-met-gly-lys-arg-pro
D. gly-tyr-met-gly-lys-arg-trp-pro
E. gly-met-gly-lys-arg-trp-tyr-pro

5. dans le séquençage des protéines, tous ces outils sont spécifiques de l'identification des aa en position CT sauf :

- A exopeptidase X
B. carboxypeptidase V
C. hydrazine V
D. carboxypeptidase C V
E. carboxypeptidase B V

6. Parmi les forces qui stabilisent les structures protéiques, laquelle est la plus forte :

- A liaisons disulfure
B. interactions électrostatiques
C. interactions ioniques
D. liaisons hydrogène
E. forces de Van der Waals.

7. Cocher la proposition inexacte :

- A. les protéines sont composées d'aa de la série L V
B la tyrosine est un aa basique possédant une fonction alcool qui peut être phosphorylée X
C. la glycine est un aa compatible avec la chaîne beta V
D. l'hélice alpha droite est la structure secondaire la + stable V
E. la ser est un aa compatible avec la formation de coude V

8. Toutes les propositions suivantes sont justes sauf une:

- A. l'aminopeptidase M est une enzyme protéolytique agissant seulement sur les aa N terminaux V
B. le principe du séquençage est basé sur la recherche des chevauchements entre les différents fragments X
C. le bromure de cyanogène coupe la liaison peptidique du coté C terminal de la méthionine V
D. le groupement prosthétique est une molécule peptidique nécessaire à la fonction de la protéine V
E. le dinitrofluorobenzène permet l'identification du résidu aminoacide porteur de la fonction amine libre V

9. Concernant les protéines, toutes les propositions suivantes sont justes sauf une:

- A. les protéines renferment un grand nombre de liaisons peptidiques V
B Certaines protéines sont caractérisées par l'absorption dans l'UV X
C. L'électrophorèse permet de séparer les différentes protéines d'un mélange V
D. La grande diversité des protéines ne provient pas uniquement du nombre d'aa qui les constituent V
E. le polypeptide étant formé de liaisons simples, il peut adopter un nombre réduit de conformation dans l'espace V

10. Concernant les aa et les protéines, les propositions suivantes sont fausses sauf une:

- A. le réactif d'Edman est le phényl isothiocobalamine X
B. les 2 chaînes alpha et les 2 chaînes beta de l'Hb sont maintenues par des liaisons ioniques X
C. le fer est lié à la chaîne polypeptidique de la myoglobine au niveau de l'histidine 193 X
D. on peut déterminer les « Pk » de la fonction carboxylique et aminée d'un aa grâce à la filtration X
E. la tyrosine est un aa aromatique possédant une fonction alcool pouvant être phosphorylée V

11. Concernant les aa et les protéines, toutes les propositions sont justes sauf une :

- A. un oligopeptide est constitué d'un nombre réduit d'aa. ✓
- B. Les protéines sont des polymères d'acides aminés. ✓
- C. Les protéines peuvent se lier à d'autres molécules. ✓
- D. La séquence en aa d'une protéine peut intervenir dans la détermination tridimensionnelle du polypeptide. ✓

E. cet aa (schéma1) n'est pas doué de pouvoir rotatoire. ✗

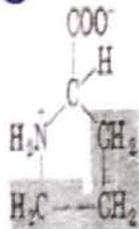


schéma1

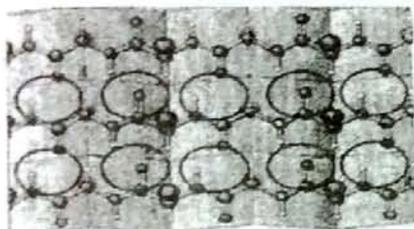


schéma2

12. Que représente le schéma 2 :

- A. un feuillet β parallèle vu de coté
- B. un feuillet β antiparallèle vu de coté
- C. un feuillet β parallèle vu polaire ✓
- D. un feuillet β antiparallèle vu polaire
- E. aucune préposition n'est correcte

13. concernant la tyrosine, toutes les propositions sont justes sauf une :

- A. la tyr est aa aromatique ✓
- B. la tyr possède un noyau indol ✗
- C. la tyr possède une fonction alcool ✓
- D. la tyr possède un noyau phenyl ✓
- E. la tyr peut être phosphorylée ✓

14. concernant l'hélice α et β toutes les propositions sont fausses sauf une :

- A. des ponts dissulfures peuvent se formés dans la même chaînes β ✗
- B. des liaisons hydrogènes peuvent se contractées entre les aa dans la même chaîne β ✗
- C. l'unité structurale répétitive est +courte dans les chaînes β que dans les chaînes α ✓
- D. il ne peut y avoir de structures irrégulières dans les chaînes β ✗
- E. les aa incompatibles dans l'hélice α le sont dans β ✗

15. concernant la myoglobine, toutes les propositions sont fausses sauf une :

- A. la molécule est si compacte qu'il ne reste de place que pour une molécule d'eau ✗
- B. les chaînes hydrophobes sont orientées vers l'extérieur ✗
- C. les chaînes latérales des aa sont orientées aussi vers l'extérieur ✗
- D. la myoglobine est une protéine qui assure le transport de l' O_2 ✗
- E. sa structure tertiaire est sous forme irrégulière associant des morceaux d'hélices interrompus par des coudes. ✓

16. concernant l'hémoglobine, toutes les propositions sont justes sauf une :

- A. son affinité pour O_2 est augmentée lors l'augmentation de l'acidité du milieu ✗
- B. un intermédiaire de la glycolyse est aussi un ligand pour l'hémoglobine ✓
- C. son affinité pour O_2 est +faible que celle de la myoglobine ✓
- D. elle peut fixée 4 atomes d' O_2 ✓
- E. elle assure aussi le transport de l'hydrogène. ✓

17. concernant les acides aminés, toutes les propositions sont justes sauf une :

- A. Ce sont des molécules allostériques ✗
- B. la plus part des aa possèdent un atome de carbone asymétrique ✓
- C. la plupart des aa naturels appartiennent à la série L ✓
- D. la masse molaire de l'aa est indépendante de la chaîne latérale ✗
- E. Ils se différencient par la nature de leur radical R ou chaîne latérale ✓

18. Parmi ces propositions, toutes les propositions sont justes sauf une :

- A. si on verse une solution d'aa à pH 3 dans une colonne de résine échangeuse de cations, les aa ayant la charge la plus positive sont élués en derniers ✓
- B. dans la chromatographie échangeuse d'ions, les résines échangeuses d'anions sont composées de particules portant à leur surface des groupements chargés négativement ✗
- C. toutes les protéines sont construites à partir du même pool d'aa, liés par covalence en une séquence caractéristique ✓
- D. dans la chromatographie échangeuse d'ions, les résines échangeuses de cations sont composées de particules portant à leur surface des groupements chargés négativement ✓
- E. la lysine à une courbe de titration complexe et possède un pHi plus élevé que la glycine

19. Concernant l'hélice α , toutes les propositions sont justes sauf une :

- A. dans un tour d'hélice on retrouve 3,6 résidus aa ✓
- B. est une hélice dont le pas est à droite ✓
- C. chaque tour d'hélice contient plus d'une liaison hydrogène ✓
- D. dans un tour de spire, on retrouve 4 résidus aa. ✗
- E. est retrouvée dans la structure des protéines membranaires. ✓

20. concernant le séquençage, tous ces outils sont spécifiques de l'identification de l'extrémité N terminale sauf :

- A. chlorure de Dansyl ✓
- B. phényl isothiocyanate ✓
- C. exopeptidase ✗
- D. dinitrofluorobenzène ✓
- E. aminopeptidase M ✗