

PARCOURS D'ACCES SPECIFIQUE SANTE
« PASS » 2020/2021

Mercredi 16 Décembre 2020
UE 2 de 13h45 à 15h00

UE 2: Biochimie Biologie moléculaire

Responsable de l'enseignement : Pr RODRIGUEZ-LAFRASSE

Type de l'épreuve : QCM
Durée de l'épreuve : 1H15
Notation concours : sur 20

Le fascicule comporte 10 pages, numérotées de la page 1 à 10 (Sans la page de garde)
(2 premières feuilles de brouillon couleur bleue)

INSTRUCTIONS POUR L'EPREUVE

Usage de la calculatrice: NON AUTORISE

1. Assurez-vous que votre fascicule est complet : les pages doivent se suivre sans interruption.
2. Les questions QCM sont à REponses multiples. Chaque question comporte cinq propositions.
3. **Vous devez cocher sur la grille de réponse uniquement les propositions exactes de 0 à 5 possibilités par question.**
4. Toute marque qui apparaît en dehors des emplacements qui vous sont réservés peut motiver un zéro à votre épreuve.
5. Communications : depuis l'instant où vous aurez reçu votre cahier d'épreuves jusqu'à celui où vous aurez rendu la grille de réponse optique, **toute communication est interdite** quel qu'en soit le prétexte ou la nature. En cas de besoin, adressez-vous exclusivement aux surveillants présents dans la salle.

Attention : Vos réponses portées sur la grille de réponse QCM seront lues par un procédé optique qui implique obligatoirement que les cases correspondantes soient franchement et entièrement noircies et non pas seulement très légèrement ou partiellement crayonnées.

Énoncé commun aux QCM 1 à 3. La séquence d'un gène eucaryote, codant un canal potassique et composé de 129 résidus d'acides aminés, vous est fournie ci-dessous. Ce gène contient 4 exons. Le codon d'initiation de la traduction est indiqué en gras et en souligné.

Séquence de l'exon 1

1- GAAATCACAA ATTACAAAAC GTCAGAGTAC TTTCTGGAAA TAAGCCTTCC TCTCCAGGGA
 61- ACAACGCATT TGACACTTGA CTGGGATACA CTACCGGATC CTCCGAGGGT GATGGTTCTC
 121- AAGAAGGCAG AAGCAATGGT GACCAATAGA CCTCCTTAAA GGCTGAGCCG CTGGGCACCT
 181- TCCTACTCCT CTCGACCGTG CTAGGATG

Séquence de l'exon 2

1- ACTGCAGCAG AGTCCCCGAG TCCTTTGATG CAAGGGTCTA G

Séquence de l'exon 3

1- GAAAAATCCC TCTGCTTTCT CTGGCCAGTT TCACACAATC ATCAGGTGAG CCGAGGATCC
 61- ATTGGAGGAA GGCATTATCT GTATCCAGAG GAAATAGCCA AGGATATTCA G

Séquence de l'exon 4

1- GGTGTGCCTG GGAAGTTTGA GCTGCAGCAG TGGAACCTTA ATGCCCAGGA **TGATCCTGTC**
 61- TAACACCACA GCGGTGACGC CCTTTCTGAC CAAGCTGTGG CAGGAGACAG TTCAGCAGGG
 121- TGGCAACATG TCGGGCCTGG CCCGCAGGTC CCCCCGAGC AGTGACGGCA AGCTGGAGGC
 181- CCTTACGTC CTCATGGTAC TGGGATTCTT CGGCTTCTTC ACCCTGGGCA TCATGCTGAG
 241- CTACATCCGC TCCAAGAAGC TGGAGCACTC GAACGACCCA TTCAACGTCT ACATCGAGTC
 301- CGATGCCTGG CAAGAGAAGG ACAAGGCCTA TGTCCAGGCC CGGGTCTTGG AGAGCTACAG
 361- GTCGTGCTAT GTCGTTGAAA ACCATCTGGC CATAGAACAA CCCAACACAC ACCTTCTGTA
 421- GACGAAGCCT TCCCCATGAA CCCCACCACT GGCTAAAACCT GGACACATCC TGCCTGGCAA
 481- CCTGATTTTC TAATCACATT CCTCTCATACT TCTTTATTGT GATGGATACC ACTGGATTTTC
 541- TTTTTGGCTG TTGTAAGGGG TGAGGGGTGG ATTAATGACA CTGTTTCACT GTTTCTCTAA
 601- AATCACGTTT TTTTGTGATA GACTGTCAGT GGTTCCCCCA TATCTGTCCC TGCCTTGCTA
 661- AATTTAGCAG AATCCCTGAG GACATGGCCT CTGAGAATAG CAGCTGCATT TCCCAGACTC
 721- CCTTGCAGCT AGCAAGGTTG TGTGACTAAG CCCTGGCCAG TAGGCATGGA AGTGAAGACT
 781- GTAATGTCCA AGTAATCCTT GGAAATAAAA GAACGTGCCC TTAACCTAAT TTGTCCTGCT
 841- TCCCAGTGGC TGGATGTGGA GGAGGTGGAG AGCAGTTATG AGACTGGGAA AGAACGGGGG
 901- ACTCAAAGAG CCACACACAT C

QCM 1. L'exon 2 de ce gène :

- A- Est entièrement codant.
- B- Est entièrement non codant.
- C- Est partiellement codant.
- D- Est partiellement non-codant.
- E- Sera transcrit en utilisant comme brin matrice la séquence fournie dans l'énoncé.

QCM 2. Le codon stop de ce gène est localisé sur les nucléotides :

- A- 368 à 370.
- B- 393 à 395.
- C- 418 à 420.
- D- 437 à 439.
- E- 454 à 456.

QCM 3. Grâce à des études bio-informatiques, un micro-ARN a été identifié comme pouvant s'hybrider sur l'ARNm obtenu après transcription de ce gène. Cette hybridation s'effectuerait au niveau de la région allant des nucléotides 720 à 740. Parmi les micro-ARN listés ci-dessous (séquences des graines indiquées en gras), quel est celui qui pourrait se fixer sur l'ARNm obtenu après transcription de ce gène :

- A- mir-98 5' **UGAGGUAGUA**AGUUGUAUUGUU^{3'}.
- B- mir-22 5' **AAGCUGCC**AGUUGAAGAACUGU^{3'}.
- C- mir-15 5' **UAGCAGCACA**UAAUGGUUUGUG^{3'}.
- D- mir-208a 5' **GAGCUUU**UGGCCCGGGUUAUAC^{3'}.
- E- let-7a 5' **UGAGGUAGUAGGU**UGUAUAGUU^{3'}.

QCM 4. La thymine et l'uracile ont en commun :

- A- D'être des bases pyrimidiques.
- B- De porter un groupement méthyle sur le carbone 5.
- C- D'exister sous deux formes tautomères amino et imino.
- D- D'être retrouvées dans l'ADN mitochondrial.
- E- De s'apparier à l'adénine par trois liaisons hydrogène.

QCM 5. La double hélice d'ADN :

- A- Les bases puriques et pyrimidiques, situées dans la zone interne de la double hélice, sont empilées, partiellement superposées, et dans des plans parallèles.
- B- Une base purique est toujours en face d'une base pyrimidique du brin complémentaire.
- C- L'appariement GC, entre une guanine et une cytosine complémentaire, est plus solide que l'appariement AT, entre une adénine et une thymine complémentaire.
- D- La somme des bases puriques est égale à la somme des bases pyrimidiques.
- E- Dans la séquence désoxyribonucléotidique d'un brin d'ADN Z, une base purique alterne très régulièrement avec une base pyrimidique.

QCM 6. Chromatine et compaction de l'ADN :

- A- L'euchromatine contient des gènes qui sont fréquemment exprimés par la cellule.
- B- Les histones du nucléosome se lient au grand sillon de l'ADN par liaisons hydrogène.
- C- Les histones subissent des modifications post-traductionnelles (acétylation, méthylation) qui permettent de contrôler le degré de condensation de la chromatine.
- D- Les surenroulements négatifs bloquent la transcription en rendant l'ADN moins accessible aux enzymes et aux protéines impliquées.
- E- La fibre de 30 nm résulte de l'enroulement de l'ADN autour d'un octamère d'histones.

QCM 7. Les ARN non codants eucaryotes :

- A- La totalité des ARN non codants représente 2% des ARN totaux.
- B- Les miARN se fixent sur la partie 3'UTR non traduite de leurs ARNm cible.
- C- Des miARN appelés mitomiR sont retrouvés dans les mitochondries.
- D- Les snARN et les snoARN sont des ARN régulateurs.
- E- Les lncARN n'ont pas de fonction connue.

QCM 8. Catabolisme des bases puriques et pyrimidiques :

- A- Hypoxanthine et xanthine sont des intermédiaires du catabolisme de la cytosine.
- B- L'inosine est un intermédiaire du catabolisme des bases puriques.
- C- L'acide urique est le produit terminal du catabolisme des bases pyrimidiques.
- D- Le catabolisme des bases pyrimidiques conduit à des molécules hydrosolubles facilement éliminées par l'organisme.
- E- L'allopurinol est un inhibiteur de la xanthine oxydase utilisé dans le traitement de la goutte.

QCM 9. Concernant la réparation de l'ADN :

- A- Le système de réparation BER répare des lésions sur l'ADN en agissant sur les 2 brins d'ADN.
- B- L'ADN polymérase δ intervient dans la réparation NER.
- C- La fidélité de la réplication et de la réparation de l'ADN participent à la survie à court terme de la cellule.
- D- Parmi les lésions spontanées, la déamination de l'adénine donne la xanthine.
- E- Le système de réparation SOS permet de réparer les lésions induites lors de la réplication de l'ADN.

QCM 10. Concernant la réplication de l'ADN :

- A- L'ADN polymérase δ possède une fonction d'édition qui est une fonction endonucléasique 3'→5'.
- B- L'ADN polymérase III possède une fonction polymérasique dans le sens 3'→5' et une fonction exonucléasique dans le sens 3'→5'.
- C- La primase est une ARN polymérase ADN-dépendante qui intervient lors de la réplication de l'ADN.
- D- Chez les Eucaryotes, la longueur des fragments d'Okazaki est d'environ 1500 à 2000 ribonucléotides.
- E- L'ADN polymérase α permet l'initiation de la réplication sur le brin tardif.

QCM 11. Concernant la transcription :

- A- Chez les procaryotes, la transcription débute en amont de la boîte Pribnow.
- B- L'ARN polymérase génère un brin d'ARN qui a la même séquence nucléotidique que le brin sens d'ADN mais dans lequel les nucléotides T sont remplacés par des nucléotides U.
- C- Chez les Eucaryotes, la transcription s'arrête aussitôt après avoir transcrit le signal de terminaison de la transcription.
- D- Chez les Eucaryotes, la boîte TATA permet de recruter l'ARN polymérase II et des facteurs de transcription.
- E- La transcription fait intervenir des topoisomérases.

QCM 12. Concernant les ARNs humains et le processus d'épissage :

- A- Les ARNsno ne sont pas impliqués dans la maturation des ARNm.
- B- La maturation des ARNm débute dans le noyau et se termine dans le cytoplasme afin de donner un ARNm mature.
- C- Les ARNm présentent une queue polyA en 3' dont le nombre de A est totalement indépendant de la séquence d'ADN transcrite.
- D- Lors de l'épissage des introns, le site accepteur d'épissage est reconnu par le snRNP U5.
- E- Chez les Eucaryotes, un pré-ARNm peut donner naissance à différentes protéines.

QCM 13. Concernant la traduction :

- A- L'addition de chaque acide aminé à la chaîne peptidique en cours de synthèse nécessite l'hydrolyse de GTP.
- B- La puromycine est un inhibiteur spécifique des bactéries.
- C- Une fois que l'ARNt est couplé à la méthionine, elle se fixe au complexe ribosomique constitué par la petite sous-unité et la grande d'ARNr, la traduction peut alors débiter.
- D- La phase de terminaison est induite lorsque le complexe ribosomique arrive à la queue poly A.
- E- Chez les Eucaryotes, l'ARNm mature peut être traduit par plusieurs complexes ribosomiques en même temps.

QCM 14. Concernant le code génétique :

- A- Le codon start code toujours une méthionine chez les Eucaryotes et les Procaryotes.
- B- La dégénérescence du code génétique permet notamment d'éviter des problèmes de mutations.
- C- Une mutation faux-sens conduira à l'obtention d'une protéine tronquée.
- D- Le code génétique contient 64 codons sens.
- E- Un codon antisens est un triplet nucléotidique présent sur l'ARNt.

QCM 15. Un polymorphisme est :

- A- Un variant génétique dont la fréquence dans la population générale est supérieure à 1%.
- B- Un variant génétique portant sur 1 ou 2 nucléotides.
- C- Un variant génétique induisant un décalage du cadre de lecture.
- D- Un variant génétique également appelé mutation faux-sens.
- E- Un variant génétique synonyme.

QCM 16. Les facteurs trans :

- A- Sont identiques dans toutes les cellules.
- B- Sont des séquences d'ADN situées sur le même brin que le gène qu'elles régulent.
- C- Jouent un rôle dans la régulation transcriptionnelle.
- D- Ont une expression régulée en fonction du type cellulaire.
- E- Sont des protéines.

QCM 17. La régulation post-transcriptionnelle comprend des modifications :

- A- Du promoteur.
- B- Par méthylation des ilots CpG.
- C- De l'édition de l'ARN.
- D- De l'épissage.
- E- Traductionnelles.

QCM 18. A propos du code à 1 lettre des acides aminés protéinogènes :

- A- Le code de l'alanine est A.
- B- Le code de l'asparagine est N.
- C- Le code de la glutamine est E.
- D- Le code de la lysine est K.
- E- Le code de la tyrosine est T.

QCM 19. A propos du rôle et de la structure des acides aminés protéinogènes :

- A- La phénylcétonurie est une pathologie caractérisée par l'absence de synthèse de phénylalanine.
- B- Les résidus sérine et thréonine peuvent être la cible de modifications post-traductionnelles comme la O-glycosylation et la phosphorylation.
- C- Les ponts disulfures sont des dimères de méthionine.
- D- Les résidus lysine ne sont pas concernés par les modifications post-traductionnelles.
- E- L'histidine peut former des liaisons de coordination avec des ions métalliques.

QCM 20. A propos des propriétés acido-basiques de l'arginine ($pK_{a1} = 2,2$; $pK_{a2} = 9$; $pK_{aR} = 12,5$) :

- A- La forme d'ionisation majoritaire de l'arginine à pH inférieur à 2,2 possède une charge nette de +2.
- B- La forme d'ionisation majoritaire de l'arginine à pH compris entre 2,2 et 9 possède une charge nette de 0.
- C- Le point isoélectrique de l'arginine est de 5,6.
- D- La forme d'ionisation majoritaire de l'arginine à pH 6 migre vers l'anode.
- E- La forme d'ionisation majoritaire de l'arginine à pH supérieur à 12,5 possède une charge nette de -1.

QCM 21. A propos de la liaison peptidique :

- A- La liaison peptidique est une liaison ester.
- B- La liaison peptidique possède toutes les propriétés d'une simple liaison.
- C- En se référant à la position des deux carbones α situés de part et d'autre de la liaison peptidique, celle-ci possède une configuration trans.
- D- La liaison peptidique est ionisable.
- E- La liaison peptidique est rigide et ne permet donc pas de rotation autour de son axe.

QCM 22. A propos des structures secondaires et tertiaires des protéines :

- A- Le motif hélice-boucle-hélice peut être retrouvé dans les domaines de fixation à l'ADN de certains facteurs de transcription.
- B- Dans les motifs en doigt de zinc, le zinc est lié par des liaisons de coordination à des résidus histidine et tryptophane.
- C- Les fermetures éclairs à leucine (leucine zipper) sont composées de 2 hélices α liées par les liaisons hydrophobes formées entre les chaînes latérales des résidus leucine.
- D- Les feuillettes plissées β et les hélices α sont des structures secondaires régulières.
- E- Les hélices α sont des structures extensibles offrant des propriétés de déformation et de contractilité aux protéines.

QCM 23. A propos des propriétés générales des enzymes :

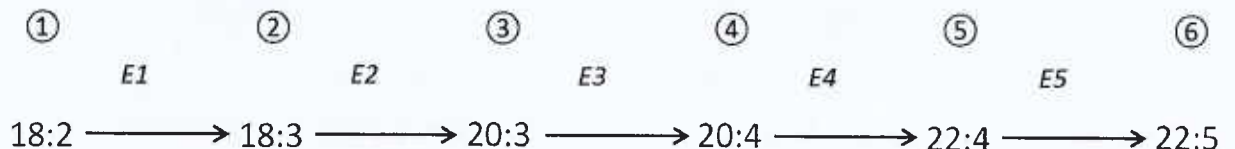
- A- Les enzymes sont des catalyseurs biologiques spécifiques d'un substrat et d'une réaction chimique donnée.
- B- Les cofacteurs enzymatiques sont de nature protéique.
- C- La spécificité de l'interaction entre enzyme et substrat est liée à la complémentarité structurale entre le site actif de l'enzyme et le substrat.
- D- Sur le plan thermodynamique, les enzymes accélèrent les réactions chimiques en diminuant l'énergie libre d'activation.
- E- La nomenclature EC (Enzyme Commission) associe à une enzyme un code à 4 chiffres permettant de définir la réaction catalysée et le substrat transformé.

QCM 24. A propos de la régulation de l'activité des enzymes :

- A- Le trypsinogène inactif est transformé en trypsine par protéolyse partielle.
- B- La glycogène phosphorylase est activée par phosphorylation d'un résidu sérine.
- C- Les enzymes allostériques peuvent passer d'une conformation R (relâchée) à une conformation T (tendue) par transition allostérique.
- D- La glycogène phosphorylase n'est pas une enzyme allostérique.
- E- L'ATP est un activateur allostérique de la phosphofructokinase.

Enoncé commun aux QCM 25 et 26.

Soit la filiation des acides gras numérotés de ① à ⑥ faisant intervenir les enzymes *E1* à *E5* :



QCM 25. Concernant la filiation des acides gras ci-dessus :

- A- Selon la nomenclature, l'acide gras ① en C18:2 est l'acide cis, cis-9,12-octadécadiénoïque.
- B- Les enzymes *E1* et *E2*, respectivement $\Delta 6$ -désaturase et élongase, transforment l'acide gras C18:2 en acide arachidonique (acide gras ③).
- C- Les enzymes *E3* et *E5* sont respectivement une $\Delta 5$ et une $\Delta 4$ -désaturase.
- D- L'acide gras ⑥ en C22:5 est l'acide tout cis-4,7,10,13,16-docosapentaénoïque ou DPA.
- E- Les élongases (*E2*, *E4*) ajoutent une unité carbonée du côté de l'extrémité ω de l'acide gras.

QCM 26. Concernant les acides gras ci-dessus :

- A- L'acide gras ① en C18:2 est dit indispensable.
- B- L'acide gras ⑥ en C22:5 a une configuration en tout-trans pour éviter le phénomène d'encombrement stérique.
- C- La séquence réactionnelle donnée ci-dessus correspond à des acides gras de la série $\omega 3$ ou n-3.
- D- L'acide gras ③ en C20:3 est l'acide dihomog- γ -linoléinique, précurseur des leucotriènes de série 3.
- E- L'acide gras ⑥ en C22:5 est le précurseur des prostaglandines de série 3.

Enoncé commun aux QCM 27 et 28.

Dans l'huile d'olive, on retrouve de la trioléine, un triacylglycérol homogène contenant un acide gras en C18:1 cis Δ 9.

QCM 27. Concernant l'acide gras présent dans la trioléine :

- A- Il appartient à la série ω 7.
- B- Il s'agit d'un acide gras indispensable.
- C- Son nom systématique est acide cis-9-octadécénoïque.
- D- Son isomérisation conduit à un acide gras potentiellement délétère pour le système cardiovasculaire.
- E- Il est le précurseur des prostaglandines de série 1 et des leucotriènes de série 3.

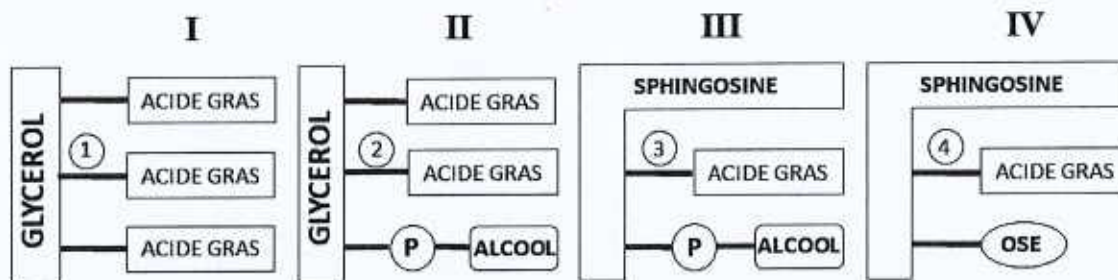
QCM 28. Concernant la trioléine :

- A- La trioléine est moins hydrophobe que le tristéarylglycérol.
- B- Son point de fusion est plus élevé que celui du tristéarylglycérol.
- C- La trioléine est amphiphile.
- D- Lors de la détermination de l'indice d'iode de la trioléine, trois molécules de I_2 s'additionnent sur cette molécule.
- E- La trioléine est hydrolysable par les phospholipases.

QCM 29. La phosphatidylcholine :

- A- C'est une molécule amphipatique et amphotère.
- B- C'est le glycérophospholipide le moins abondant des membranes cellulaires.
- C- C'est un réservoir de molécules de choline et de groupements méthyle pour la cellule.
- D- Son hydrolyse par la phospholipase A2 donne une lysosphosphatidylcholine.
- E- Son nom commun est céphaline.

QCM 30. Soient les molécules I à IV schématisées ci-dessous et soient les liaisons numérotées de ① à ④ :



- A- Les liaisons ①, ②, ③, ④ sont des liaisons esters.
- B- Le composé I est insoluble dans l'acétone.
- C- Le composé II peut être le phosphatidylglycérol et le composé III la sphingomyéline.
- D- Les 4 types de molécules sont présents dans les membranes cellulaires.
- E- Les 4 types de molécules sont amphipathiques.

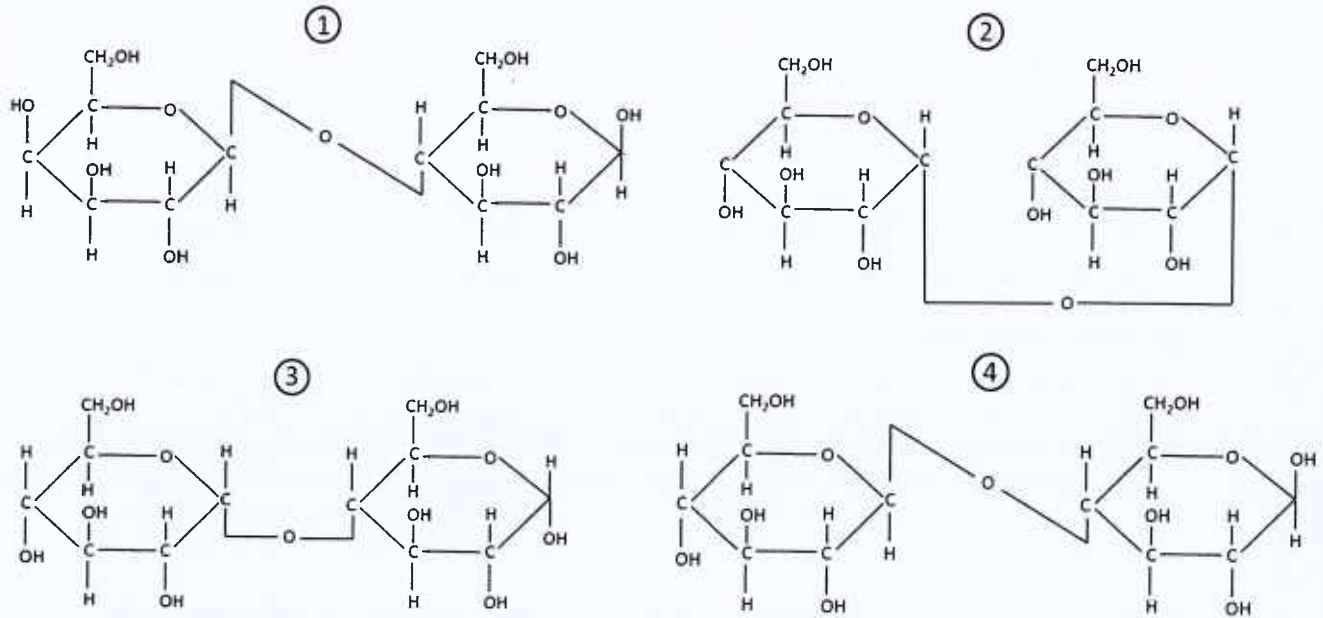
QCM 31. Les gangliosides :

- A- Les gangliosides de série "a" portent tous une molécule d'acide sialique sur leur premier galactose.
- B- Le GM2 possède trois résidus osidiques et une molécule d'acide sialique.
- C- Tous les gangliosides sont formés à partir du lactosylcéramide.
- D- Le GM3 est un récepteur de la toxine cholérique.
- E- Les gangliosides possédant 4 résidus osidiques ne sont jamais retrouvés dans le cerveau.

QCM 32. Les oses :

- A- L' α -D-galactopyranose et le β -D-galactopyranose sont les deux anomères du D-galactose.
- B- L'interconversion du D-fructose donne du D-galactose et du D-glucose.
- C- Le D-mannose et le L-mannose sont deux énantiomères.
- D- Le D-fructose et le D-ribulose sont deux cétooses.
- E- Le D-glucose et le L-mannose sont deux diastéréoisomères.

Enoncé commun aux QCM 33 et 34. Soient les quatre diholosides suivants :



QCM 33. Concernant les diholosides :

- A- Les molécules ① à ④ sont des oligosides.
- B- Seul le diholoside ② est non réducteur.
- C- Si on réalise une oxydation ménagée du diholoside ① par l'iode en milieu alcalin, puis une hydrolyse acide de la liaison osidique, on obtient une molécule de glucose et une molécule d'acide galactonique.
- D- Les diholosides ① et ④ peuvent être hydrolysés par une β -glucosidase.
- E- Les diholosides ② et ③ peuvent être hydrolysés par une α -glucosidase.

QCM 34. Concernant les diholosides :

- A- Le diholoside ① est le maltose.
- B- Le diholoside ② est l' α -D-glucopyranosyl (1 \rightarrow 4) α -D-glucopyranose.
- C- Le diholoside ③ est le cellobiose.
- D- Le diholoside ④ est le β -D-glucopyranosyl (1 \rightarrow 4) β -D-glucopyranose.
- E- Les deux oses impliqués dans les diholosides ① à ④ sont unis par une liaison glucosidique.

QCM 35. Métabolisme tissulaire :

- A- La principale source d'énergie du foie provient du catabolisme des acides gras.
- B- La glycolyse aérobie est la principale voie énergétique du globule rouge.
- C- En période de jeûne, le cerveau utilise principalement les acides gras comme source énergétique.
- D- Les lactates d'origine musculaire représentent le principal substrat énergétique utilisé par le myocarde au cours de l'effort physique.
- E- La cétogenèse a lieu exclusivement dans le tissu adipeux.

QCM 36. La glycolyse :

- A- A l'exception des produits initiaux et finaux, la glycolyse n'utilise comme intermédiaires métaboliques que des composés phosphorylés.
- B- Dès son entrée dans l'hépatocyte, le glucose est phosphorylé en glucose-6-phosphate par la glucokinase puis converti en glucose-1-phosphate par la phosphoglucomutase.
- C- La réaction catalysée par la phosphofruktokinase-1 est réversible.
- D- Si le niveau énergétique cellulaire est élevé, la forte concentration en ATP va inhiber l'activité de la phosphofruktokinase-1 et de la pyruvate kinase.
- E- La pyruvate kinase, qui catalyse la dernière étape de la glycolyse, est inhibée par l'insuline.

QCM 37. La voie des pentoses phosphates :

- A- C'est une voie métabolique principalement destinée à la production d'ATP.
- B- La voie des pentoses phosphates permet de générer du pouvoir réducteur sous forme de NADPH, H⁺ utilisable pour des réactions anaboliques de l'organisme.
- C- Seule la phase oxydative de la voie des pentoses phosphates présente des réactions irréversibles.
- D- C'est une voie majeure de production du ribose pour la synthèse des acides nucléiques.
- E- Les transcétoleses permettent de transformer un aldose en cétose et réciproquement.

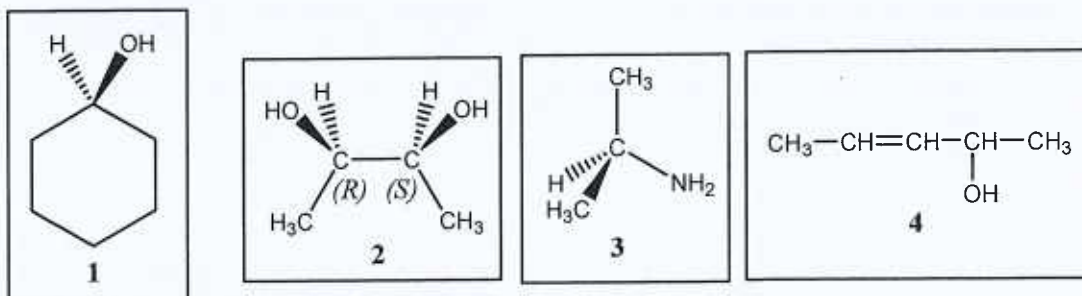
QCM 38. Le glycogène :

- A- Le glycogène a une structure analogue à celle de l'amylopectine mais il est plus ramifié.
- B- Le foie est l'organe qui contient la plus grande concentration en glycogène.
- C- Les nombreuses ramifications du glycogène permettent un métabolisme tissulaire plus rapide.
- D- A partir des extrémités des chaînes glucosidiques, la glycogène-phosphorylase coupe les liaisons $\alpha 1 \rightarrow 4$ et en présence de phosphate inorganique synthétise du glucose-1-phosphate.
- E- Dans le muscle, le glucose-6-phosphate issu de la glycogénolyse s'engage dans la glycolyse.

QCM 39. Un acide gras à 16 atomes de carbone subissant le processus de la β -oxydation :

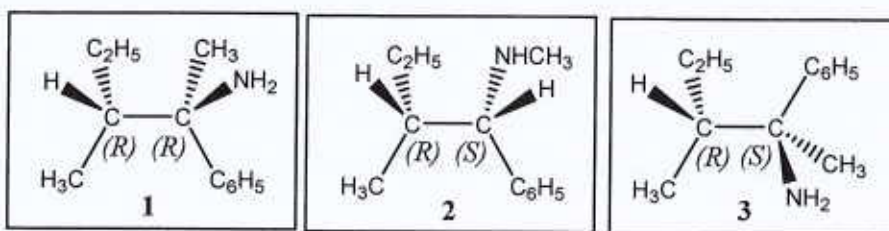
- A- Est d'abord activé dans le cytoplasme sous forme de palmitoyl-CoA, étape nécessitant la consommation d'un d'ATP et d'un NADH, H⁺.
- B- Est importé passivement dans la mitochondrie.
- C- Subit 7 tours de cycle comportant les étapes chimiques successives : déshydrogénation, hydratation, déshydrogénation et thiolyse.
- D- Produit 8 molécules d'acétyl-CoA, 7 molécules de NADH, H⁺ et 7 molécules de FADH₂.
- E- Fournit le même nombre de molécules d'ATP (126) que son oxydation totale couplée au processus de céto-genèse.

QCM 40. Soient les structures 1 à 4 suivantes :



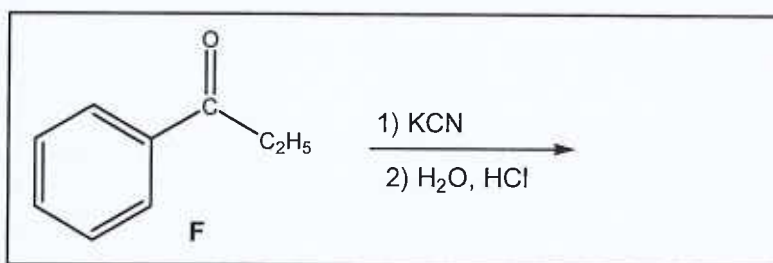
- A- 1 est un composé optiquement actif.
- B- 2 est un composé qui possède deux carbones asymétriques.
- C- 2 est un composé chiral.
- D- 3 possède un énantiomère et un seul.
- E- 4 est une représentation plane correspondant à quatre composés différents.

QCM 41. Soient les structures 1, 2 et 3 suivantes :



- A- 1 est une amine primaire.
- B- 2 est un composé méso.
- C- 1 et 2 sont diastéréoisomères.
- D- 1 et 2 sont isomères de constitution.
- E- 1 et 3 sont isomères de conformation.

QCM 42. Soit la réaction du composé F avec KCN dans une 1^{ère} étape, suivie d'une étape d'hydrolyse acide par H₂O, HCl :



- A- Lors de la réaction F + KCN, l'ion cyanure CN⁻ se comporte comme un électrophile.
- B- Lors de la réaction F + KCN, la cétone se comporte comme un électrophile.
- C- Suite à l'hydrolyse acide, on obtient deux cyanhydrines énantiomères.
- D- La réaction F + KCN est une substitution.
- E- La réaction F + KCN est une addition nucléophile.

QCM 43. A propos de l'atome :

- A- Lors de la désexcitation d'un atome d'hydrogène, si le niveau d'arrivée est n = 2, on parle d'émission de photon de la série de Balmer.
- B- Le niveau énergétique dans l'atome hydrogénoïde est donné par la relation : $E_n = h.c.R_H.(Z^2/n^2)$.
- C- Cette configuration électronique de ⁹F est possible : 1s²2s²2p⁶.
- D- Cette configuration électronique de ¹⁵P est possible : 1s²2s²2p⁶3s¹3p³4s¹.
- E- La charge nucléaire effective (Z*) d'un électron 1s sur l'atome d'²He est de 1,69.

QCM 44 : On donne les points d'ébullition suivants en °C : -161,7 ; 36,1 ; 65 et 100 ainsi que les molécules suivantes : CH₄, C₅H₁₂, CH₃OH et H₂O.

- A- La température d'ébullition de CH₄ est de 36,1°C.
- B- La température d'ébullition de CH₄ est de -161,7°C.
- C- La température d'ébullition de C₅H₁₂ est de 65°C.
- D- La température d'ébullition de CH₃OH est de 65°C.
- E- La température d'ébullition de C₅H₁₂ est supérieure à celle de CH₄, en raison de la présence des liaisons hydrogène.

QCM 45 : On considère les atomes suivants : ${}_{12}\text{Mg}$, ${}_{13}\text{Al}$ et ${}_{17}\text{Cl}$:

- A- Ils possèdent tous le même nombre d'électrons de cœur.
- B- On peut les classer par ordre de rayon atomique croissant ainsi : ${}_{12}\text{Mg}$, ${}_{13}\text{Al}$, ${}_{17}\text{Cl}$.
- C- On peut les classer par ordre d'énergie d'ionisation croissante ainsi : ${}_{13}\text{Al}$, ${}_{12}\text{Mg}$, ${}_{17}\text{Cl}$.
- D- ${}_{13}\text{Al}$ est un élément métalloïde.
- E- Ils possèdent tous un électron célibataire.