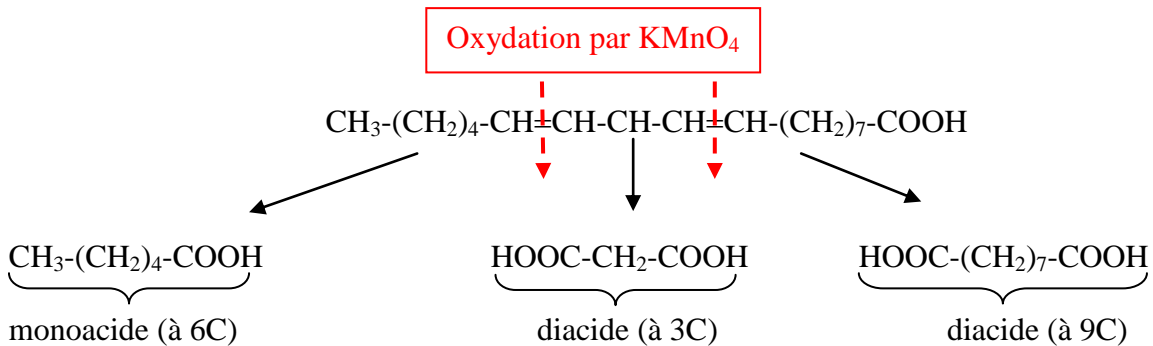
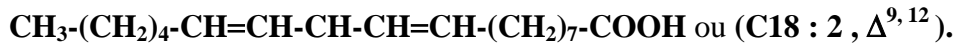


Exercice N° 1 : LES GLUCIDES (3,5 pts)

- a- Le nom de l'oligoside est : β -D-galactopyranosyl (1→3)- β -D-glucopyranosyl (1→4)- β -D-2-aminoglucopyranosyl (1→3)- β -D mannopyranose. (1 pt c.à.d 0.25 par molécule)
- b- La réaction de cet oligoside avec la liqueur de Fehling donne une coloration rouge brique avec un précipité. Ce résultat expérimental indique que l'oligoside est un sucre réducteur, car il possède un OH du carbone anomérique (ou hémiacétalique) libre. (1.5 pts c.à.d 0.5 par question)
- c- L'enzyme qui hydrolyse l'oligoside au niveau de la flèche s'appelle : la β -glucosidase. (0.5 pts)
- d- Il y aura 3 molécules d'acide périodique (HIO₄) qui seront consommées au cours de la réaction. (0.5 pts)

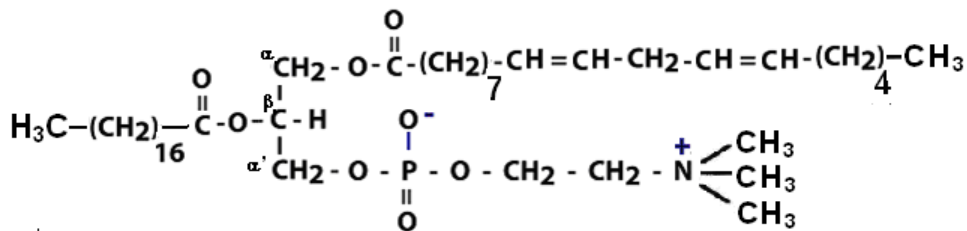
Exercice 2 : LES LIPDES (4 pts)

- L'oxydation par le permanganate de potassium provoque la scission de l'acide gras insaturé lié au carbone α (ou carbone 1) du glycérol en 3 fragments : un monoacide (à 6C) et deux diacides (à 3C et à 9C) ; d'où il s'agit de *l'Acide linoléique* (C18 : 2 , $\Delta^{9,12}$), sa formule est la suivante :



- L'*Acide stéarique* est un acide gras saturé à 18 atomes de carbone, sa formule est la suivante : $\text{CH}_3\text{-(CH}_2\text{)}_{16}\text{-COOH}$ ou (C18: 0)

- a- La formule développée du lipide (1.5 pts)



- b- Le nom du lipide est : (0.5 pts)

1-linoléyl -2- stéaryl -phosphatidylcholine ou α - linoléyl - β - stéaryl -phosphatidylcholine

- c- Ce lipide appartient à la classe des **glycérophospholipides** ou **phospholipides** (0.5 pts)

NB : si l'étudiant répond « Lipides complexes » la note attribuée sera uniquement de 0.25 pts)

d- Indice d'iode du lipide (Ii) correspond à la masse de I₂ (en grammes) nécessaire pour saturer les doubles liaisons contenues dans 100 g de matière grasse ou de lipide.

Calcul de la masse molaire du lipide

$$(PM)_{\text{lipide}} = PM_{\text{glycérol}} + PM_{\text{Ac. Linoléique}} + PM_{\text{Ac. Stéarique}} + PM_{\text{Ac. Phosphorique}} + PM_{\text{choline}} - 4 \times PM_{\text{H}_2\text{O}}$$

$$= 92 + 280 + 284 + 98 + 104 - 72 = 786\text{g}$$

$$Ii = (PM_{I_2} \times \Delta \times 100) / PM_{\text{lipide}} \quad (0.25 \text{ pts})$$

$$Ii = 254 \times 2 \times 100 / 786$$

$$Ii = 64,63 \quad (0.25 \text{ pts})$$

e- indice de saponification du lipide (Is) est défini comme étant la masse de KOH (en mg) nécessaire à la saponification de 1g de corps gras ou de lipide.

$$Is = (PM_{\text{KOH}} \times \text{Nombre d'AG} \times 1000) / PM_{\text{lipide}} \quad (0.25 \text{ pts})$$

$$Is = 56 \times 2 \times 1000 / 786$$

$$Is = 142,49 \quad (0.25 \text{ pts})$$

f- L'enzyme qui détachera spécifiquement la choline de ce lipide est la **phospholipase D**. (0.25 pts)

Le reste de la molécule après action de cette enzyme s'appelle : **1-linoléyl-2-stéaryl-phosphatidylglycérol** (0.25 pts)

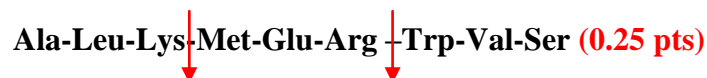
Exercice 3 : ACIDES AMINES, PEPTIDES ET PROTEINES (5 pts)

Partie A : Soit le peptide suivant: **Ala-Leu-Lys-Met-Glu-Arg –Trp-Val-Ser**

Les fragments générés suite à la digestion avec:

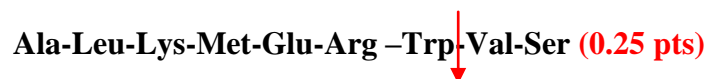
a) la trypsine **b)** la pepsine **c)** le bromure de cyanogène (CNBr) sont :

a- La trypsine : est une spécifique, catalyse l'hydrolyse de la liaison peptidique dans lesquelles les fonctions carboxyles sont fournies par la *lysine* ou l'*arginine*, sauf si l'acide aminé à droite = *proline*. Donc, les fragments issus de l'action de la *trypsine* sont :



- 1- Ala-Leu-Lys
- 2- Met-Glu- Arg
- 3- Trp-Val-Ser

b- La chymotrypsine : est une spécifique, elle permet la coupure du côté C-terminal des 3 acides aromatiques (*phénylalanine*, *tryptophane* et *tyrosine*), sauf si l'acide aminé à droite = *proline*. Donc, les fragments issus de l'action de la *chymotrypsine* sont :



- 1- Ala-Leu-Lys-Met-Glu-Arg –Trp
- 2- Val-Ser

c- Le CNBr coupe l'extrémité C-terminal de la *méthionine*, qui le transforme en reste *homoseryl lactone*.



Ala-Leu-Lys-Met-Glu-Arg –Trp-Val-Ser (0.25 pts)

- 1- Ala-Leu-Lys-Met
- 2- Glu- Arg -Trp-Val-Ser

Partie B : Dans le but d'étudier la structure d'un peptide P. plusieurs traitements ont été effectués.

- Le peptide P + DNFB + hydrolyse acide donne: DNP-Leu, Lys, Met, Cystine, Ala, DNP-Thr, Gly et Glu. :

On remarque deux DNP-acide aminé : donc il y a 2 acides aminés N-terminaux.

Présence d'une cystine : donc Cys-Cys liées par un pont disulfure.

NB : *l'hydrolyse acide détruit le Tryptophane. Donc sa présence éventuelle peut être cachée par ce traitement.*

- Le peptide P + le β-mercaptoéthanol donne un hexapeptide A et un térapeptide B. *Donc le peptide P est composé de deux chaînes péptidiques : un hexapeptide A (6 aa) et un térapeptide B (4aa). l'ensemble est 10 aa. Tenons compte du premier traitement on déduit la présence du Trp.*

- Le peptide A + DNFB hydrolyse acide donne : Lys, Met, Cys, Ala, DNP-Thr et Gly. Donc le Thr est l'aa N-terminal. donc A : Thr-aa₂-aa₃-aa₄-aa₅-aa₆

- L'hexapeptide A + Trypsine donne un tripeptide contenant Ala et Thr : Donc Thr-aa₂-aa₃ = Thr-Ala-Lys sachant que la trypsine coupe après la lys. et un autre tripeptide qui libère la Gly après action du CNBr. Donc aa₄-aa₅-aa₆ = Cys-Met-Gly sachant que le CNBr coupe après la Met.

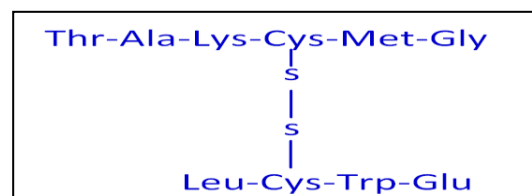
Donc A : Thr-Ala-Lys- Cys-Met-Gly (1.5 pts)

- Le térapeptide B + aminopeptidase permet de libérer la Leu. Donc la Leu est l'aa N-terminal. donc B : Leu-aa₂-aa₃-aa₄

- Le térapeptide B +chymotrypsine permet de libérer le Glu et un tripeptide. Donc donc B : Leu-aa₂-Trp-Glu. On déduit que aa₂ = Cys

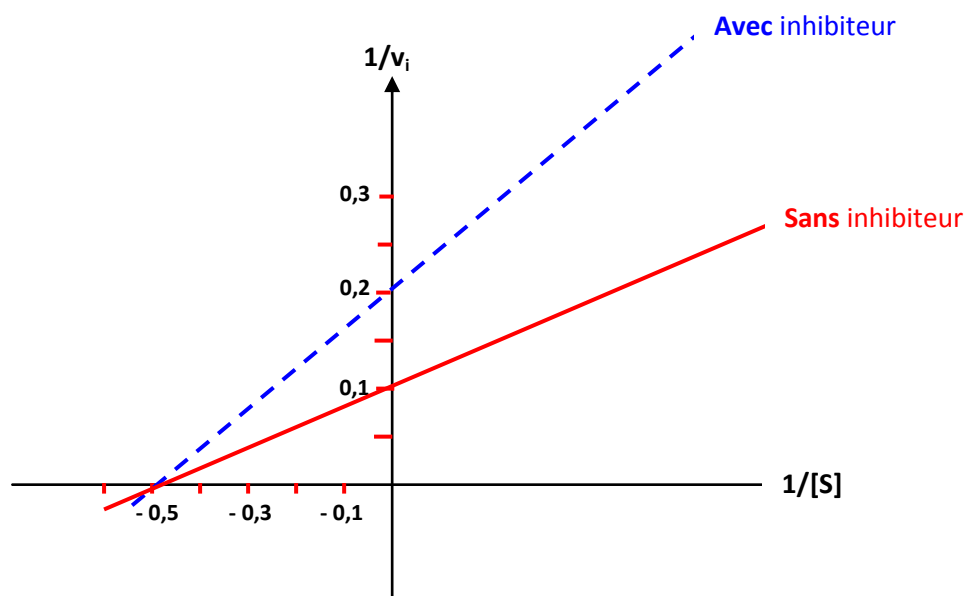
Donc B : Leu-Cys-Trp-Glu (1.5 pts)

La séquence du peptide P est: (1.25 pts)



Exercice N°4 : ENZYMOLOGIE (4.5 pts)

On trace à l'aide de la représentation de Lineweaver-Burk $1/v_i$ en fonction de $1/[S]$ (1 pt)



Après extrapolation, les droites obtenues se coupent sur l'axe de $1/[S]$ en un point = $-1/K_m$.

a) Détermination de V_{max} et K_m en présence et en absence de l'inhibiteur

En absence de I :

$$K_m = 2 \cdot 10^{-2} M \text{ (0.5 pts)}$$

$$V_{max} = 10 \mu\text{mol/min} \text{ (0.5 pts)}$$

En présence de I :

$$K_m = 2 \cdot 10^{-2} M \text{ (0.5 pts)}$$

$$V_{max} = 5 \mu\text{mol/min} \text{ (0.5 pts)}$$

b) Type d'inhibition : **inhibition non compétitive. (0.5 pts)**

Car l'inhibiteur ne modifie pas l'affinité du substrat pour l'enzyme **(0.5 pts)**

c) Le calcul de K_i : La droite obtenue en présence de l'inhibiteur se coupe sur l'axe des $1/v_i$ en un point d'ordonnée $1/V'_{max} = 1/V_{max} (1 + [I]/K_i)$

$$\Rightarrow 0,2 = 0,1 (1 + 10^{-6}/K_i) \Rightarrow K_i = 10^{-6} M \text{ (0.5 pts)}$$

Exercice N° 5 : MÉTABOLISME (3pts)

a) La différence principale entre le catabolisme et l'anabolisme est :

Le catabolisme **produit** de l'énergie alors que l'anabolisme **consomme** de l'énergie **(1pt)**

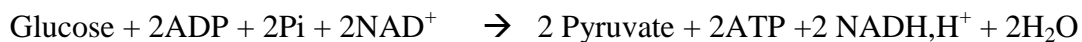
b) Les réactions irréversibles de la glycolyse sont :

Glucose \rightarrow glucose-6-phosphate (Hexokinase) **(0.5 pts)**

Fructose-6-phosphate \rightarrow Fructose-1,6 diphosphate (Phosphofruktokinase) **(0.5 pts)**

Phosphoenolpyruvate \rightarrow pyruvate (pyruvate kinase) **(0.5 pts)**

c) Le bilan énergétique de la glycolyse est :



Le bilan énergétique net est **2ATP + 2 NADH, H⁺ (0.5 pts)**