

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences de la Vie
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Epreuve « Exercices d'applications »

Durée 40 minutes

SUJET A

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés aux dessins.

Question 1 : 14 points

Prévoir suffisamment d'espace sur la copie pour répondre à cette question !

Pour chaque appariement de cette partie, vous dessinerez les **5'-ribonucléotides** en tenant compte des conformations préférées des différents constituants et vous indiquerez sur le dessin le nom de ces conformations.

- a) **(6 points)** Dessinez un appariement *cis* entre une adénine (appelée A1) et une guanine (appelée G2) impliquant les sites Watson-Crick des deux bases.
- b) **(6 points)** Une interaction supplémentaire est observée entre A1 et une uracile (appelée U3) impliquant les sites Hoogsteen de A1. Cet appariement est un appariement *trans*. Si vous avez de la place, dessinez ce nouvel appariement sur le dessin précédent. Sinon, faites un nouveau dessin.
- c) **(2 points)** Précisez si les brins sont parallèles ou antiparallèles dans le cas des appariements A1-G2 et A1-U3. Justifier vos réponses

Question 2 : 4 points

Dessiner la guanosine (désoxyribonucléoside) dans une conformation syn. Cette conformation est-elle la conformation préférée pour les bases puriques dans les hélices d'ADN ? Pourquoi ?

Question 3 : 2 points

Quelles sont les caractéristiques structurales de la liaison hydrogène ?

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences de la Vie
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Epreuve « Evaluation des connaissances de cours »

Durée 20 minutes

Question 1 : 12 points

Représentez soigneusement la structure secondaire d'un ARN de transfert et annotez-en les différentes parties. (6 points)

Deux épingles à cheveux de l'ARNt ont le même nombre de plateaux de bases dans l'hélice et le même nombre de nucléotides dans la boucle. Lesquelles ?

Précisez les nombres correspondants de nucléotides. (3 points)

Entre quelles boucles se forment des interactions tertiaires ? (3 points)

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés au dessin.

Question 2 : 8 points

a) Dans quel cas l'auto-catalyse de l'ARN s'apparente-t-il chimiquement à l'épissage des introns nucléaires ? (4 points)

b) Donnez deux caractéristiques des molécules organiques qui interagissent favorablement avec la double hélice d'ADN. (4 points)

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences de la Vie
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Epreuve « Exercices d'applications »

Durée 40 minutes

SUJET B

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés aux dessins.

Question 1 : 14 points

Prévoir suffisamment d'espace sur la copie pour répondre à cette question !

Pour chaque appariement de cette partie, vous dessinerez les **5'-ribonucléotides** en tenant compte des conformations préférées des différents constituants et vous indiquerez sur le dessin le nom de ces conformations.

- (6 points)** Dessinez un appariement *cis* entre une adénine (appelée A1) et une uracile (appelée U2) impliquant les sites Watson-Crick des deux bases.
- (6 points)** Une interaction supplémentaire est observée entre A1 et une guanine (appelée G3) impliquant les sites côté sucre de G3 et les sites Hoogsteen de A1. Si vous avez de la place, dessinez ce nouvel appariement sur le dessin précédent. Sinon, faites un nouveau dessin.
- (2 points)** Précisez si les brins sont parallèles ou antiparallèles dans le cas des appariements A1-U2 et A1-G3. Justifier vos réponses

Question 2 : 4 points

Dessiner la guanosine (désoxyribonucléoside) dans une conformation syn. Cette conformation est-elle la conformation préférée pour les bases puriques dans les hélices d'ADN ? Pourquoi ?

Question 3 : 2 points

Quelles sont les caractéristiques structurales de la liaison hydrogène ?

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences de la Vie
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Epreuve « Evaluation des connaissances de cours »

Durée 20 minutes

Question 1 : 12 points

Représentez soigneusement la structure secondaire d'un ARN de transfert et annotez-en les différentes parties. (6 points)

Deux épingles à cheveux de l'ARNt ont le même nombre de plateaux de bases dans l'hélice et le même nombre de nucléotides dans la boucle. Lesquelles ?

Précisez les nombres correspondants de nucléotides. (3 points)

Entre quelles boucles se forment des interactions tertiaires ? (3 points)

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés au dessin.

Question 2 : 8 points

a) Dans quel cas l'auto-catalyse de l'ARN s'apparente-t-il chimiquement à l'épissage des introns nucléaires ? (4 points)

b) Donnez deux caractéristiques des molécules organiques qui interagissent favorablement avec la double hélice d'ADN. (4 points)

Instructions relatives au formulaire de QCM

Les réponses sont à donner sur le formulaire ci-joint "Epreuves de type 3, réponses numériques et alphanumériques". **Veillez lire avec une très grande attention les instructions figurant sur la grille de réponses et complétez les cases correspondantes de la manière indiquée par les instructions.** Veillez lire attentivement les consignes et informations suivantes :

- Sur la première page du formulaire, complétez **uniquement** mais impérativement les 2 zones demandant le code d'anonymat : Attention à l'ordre et au format demandé pour le codage. Ne rien écrire dans la partie code de l'épreuve.
- Répondez aux emplacements notés Qa situés sur la deuxième page du formulaire : par exemple pour la question 1, répondez sur la ligne commençant par Qa 1. Ne rien écrire sur la première page du formulaire aux emplacements notés Qn.
- Pour chaque question à choix multiple, il existe toujours au moins une réponse exacte. Il faut trouver toutes les réponses correctes et uniquement les réponses correctes à chaque question pour obtenir les points correspondants à la question posée (en conséquence, il n'y a pas de points négatifs dans la notation, ni de points pour une réponse juste mais partielle à une question donnée).

Questions

Question 1. Parmi les acides aminés W, Y, L, M, P, lequel est statistiquement le plus rare dans l'ensemble des séquences de protéines présentes dans la base de données "Swiss-Prot" :

- Répondez en sélectionnant la lettre qui correspond au code à une lettre de l'acide aminé solution.

Question 2. Parmi les acides aminés F, E, W, L, P, lequel est statistiquement le plus courant dans l'ensemble des séquences de protéines présentes dans la base de données "Swiss-Prot" :

- Répondez en sélectionnant la lettre qui correspond au code à une lettre de l'acide aminé solution.

Question 3. Dans la base de données SWISS-PROT,

- A. la distribution des tailles des séquences possède une moyenne de l'ordre de 150 acides aminés
- B. la distribution des tailles des séquences possède une moyenne de l'ordre de 550 acides aminés
- C. la distribution des tailles des séquences possède une moyenne de l'ordre de 350 acides aminés
- D. toutes les séquences de protéines contiennent moins de 1500 acides aminés
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 4. Pour les protéines globulaires, le diagramme de Ramachandran :

- A. pour les acides aminés avec une configuration "L", il y aurait principalement 2 grands domaines autorisés : l'un centré autour de (-60, +60) et l'autre centré autour de (+120, -120)
- B. pour la glycine, la surface occupée par les domaines autorisés représente plus de 40% de la surface totale
- C. permet de prédire les zones autorisées pour les angles (ϕ, ψ) avec $\omega = +180^\circ$
- D. permet de prédire la structure tertiaire d'une protéine
- E. permet de prédire les structures secondaires présentes dans une protéine
- F. pour une protéine donnée, le diagramme de Ramachandran est calculé à partir de la structure 3D de la protéine
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 5. Pour une protéine dont la structure 3D est connue avec précision, le diagramme de Ramachandran de cette protéine :

- A. permet de vérifier la conformation des chaînes latérales
- B. permet de vérifier la justesse locale du repliement
- C. est utilisé pour détecter la présence de structures secondaires non-répétitives
- D. est utilisé pour prédire la structure quaternaire adoptée par la protéine
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 6. Si un acide aminé d'une protéine naturelle a des angles (ϕ, ψ) dans le domaine du diagramme de Ramachandran centré autour de (+60,+60),

- A. cet acide aminé peut faire partie d'un brin β .
- B. cet acide aminé peut faire partie d'une hélice α droite.
- C. c'est une erreur de construction qui doit être corrigée.
- D. l'acide aminé glycine peut adopter cette conformation
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 7. La base de données "PDB-RCSB"

- A. contient actuellement plus 100000 "entrées"
- B. contient actuellement plus de 150000 "entrées"
- C. répertorie uniquement les structures de protéines
- D. contient actuellement plus de 30000 entrées correspondant à des structures d'acides nucléiques
- E. plus de 80% des structures présentes ont été déterminées par la méthode de diffraction des rayons X sur des monocristaux
- F. plus de 80% des structures présentes ont été déterminées par RMN
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 8. Pour une hélice 3.6_{13} :

- A. il y a 13 résidus par tour d'hélice
- B. les liaisons $C_{\alpha} - C_{\beta}$ sont globalement toutes dirigées vers l'extrémité carboxy-terminale de l'hélice
- C. les liaisons $C=O$ sont globalement toutes dirigées vers l'extrémité amino-terminale de l'hélice
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 9. Le diagramme de Ramachandran de la figure 1 obtenu à partir de structures expérimentales correspond à un acide aminé particulier :

- A. il s'agit du diagramme spécifique à l'acide aminé proline
- B. il s'agit du diagramme spécifique à l'acide aminé glycine
- C. il s'agit du diagramme spécifique à l'acide aminé asparagine
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

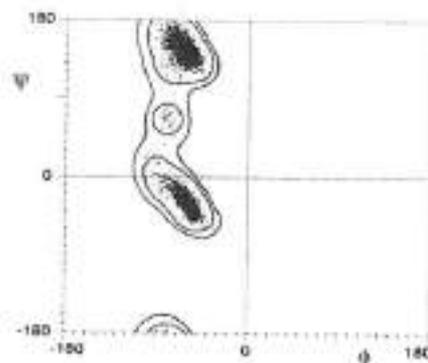


FIGURE 1

Question 10. On appelle domaine :

- A. une superfamille de protéine avec une fonction biologique.
- B. une sous-unité d'une protéine.
- C. une structure supersecondaire particulière.
- D. une partie autonome et stable d'une protéine.
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 11. On appelle repliement :

- A. un arrangement donné de structures tertiaires
- B. la structure quaternaire d'une protéine multi-chaîne
- C. un domaine avec une fonction biologique connue
- D. un domaine avec une seule fonction biologique
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 12. Parmi les structures super-secondaires ci-dessous, quelles sont celles qui sont connues comme pouvant être un motif de reconnaissance acides nucléiques-protéines :

- A. "leucine zipper"
- B. hélice-tournant-hélice
- C. clé grecque
- D. "jelly-roll"
- E. "ribbon-helix-helix"
- F. "méandre β "
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 13. Indiquer le ou les repliements contenant un motif en méandre β :

- A. "TIM barrel"
- B. "OB fold"
- C. "domaine variable des IgG"
- D. "jelly-roll"
- E. "Rossmann fold"
- F. "tonneau β haut et bas"
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 14. Indiquer le ou les repliements contenant un motif en clé grecque :

- A. "TIM barrel"
- B. "OB fold"
- C. "domaine variable des IgG"
- D. "Toll"
- E. "Rossmann fold"
- F. "tonneau β haut et bas"
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 15. Les aminoacyl-ARNt synthétases de classe I se caractérisent par :

- A. le coeur du site actif est un feuillet β antiparallèle
- B. un seul type de repliement pour le module de reconnaissance de l'anticodon de l'ARNt
- C. le coeur du site actif est un feuillet β parallèle
- D. la présence systématique d'un domaine avec un repliement de type "OB-fold" à l'extrémité amino-terminale du site actif
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 16. L'exclusion des acides aminés non polaires d'une solution aqueuse est :

- A. due à une forte attraction des chaînes latérales hydrophobes entre-elles.
- B. liée à l'arrangement des molécules d'eau en solution.
- C. gouvernée par une diminution d'enthalpie.
- D. gouvernée par une augmentation d'entropie.
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte.

Question 17. Le fragment de protéine représenté sur la figure 2 :

- A. contient la séquence TFGPG
- B. contient une cis-proline
- C. contient la séquence GPGFT
- D. contient la séquence APAFT
- E. contient la séquence VFAPA
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

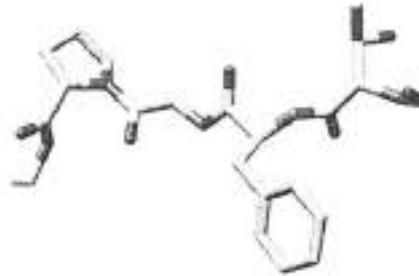


FIGURE 2

Question 18. Le repliement de type "Rossmann Fold"

- A. contient classiquement un tonneau à 8 brins β parallèles
- B. les domaines adoptant ce repliement ont une très forte conservation de séquence entre eux
- C. est un repliement caractéristique des virus à symétrie icosaédrique
- D. est un domaine qui peut fixer les molécules suivantes : ATP, GTP, FAD, NAD
- E. représente un arrangement structural de type sandwich 3 couches $\alpha/\beta/\alpha$
- F. représente un arrangement structural de type sandwich 2 couches α/β
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 19. Un repliement de type "domaine variable des IgG" classique contient :

- A. un tonneau déformé à 5 brins β parallèles
- B. un tonneau déformé à 7 brins β parallèles
- C. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β antiparallèles et l'autre à 5 brins β antiparallèles
- D. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β parallèles et l'autre à 3 brins β antiparallèles
- E. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β antiparallèles et l'autre à 3 brins β parallèles
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 20. Dans une structure IgG complète, l'empilement entre les domaines variables se fait :

- A. par les feuillets à 5 brins β
- B. par les feuillets à 4 brins β
- C. par les feuillets à 3 brins β
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 21. Si deux protéines ont chacune 1 seul domaine ayant le même repliement, on peut affirmer sans ambiguïté que :

- A. ce sont des protéines homologues
- B. appartiennent obligatoirement au même niveau "FOLD " de "SCOP"
- C. elles présentent une forte similarité de séquences entre elles
- D. elles ont une même fonction biologique
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 22. Tous les domaines de protéines appartenant à une même "superfamille" de "SCOP"

- A. ont un même repliement
- B. contiennent le même nombre d'acides aminés
- C. possèdent une très forte similarité de séquences entre elles ($\geq 30\%$)
- D. sont très probablement des protéines homologues
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 23.

- A. un même repliement donné peut être utilisé pour assurer plusieurs fonctions
- B. une fonction biologique peut être assurée par plusieurs repliements différents
- C. une même protéine peut assurer plusieurs fonctions différentes
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 24. Deux protéines homologues :

- A. appartiennent obligatoirement au même niveau "FOLD " de "SCOP"
- B. appartiennent obligatoirement au même niveau "ARCHITECTURE " de "CATH"
- C. présentent une forte similarité de séquences
- D. dérivent d'un même ancêtre
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 25. Deux domaines protéiques ayant la même fonction :

- A. appartiennent obligatoirement au même niveau "Architecture" de "CATH"
- B. appartiennent obligatoirement au même niveau "Fold " de "SCOP"
- C. présentent une forte similarité de séquences
- D. dérivent d'un même ancêtre
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 26. Les aminoacyl-ARNt synthétases sont :

- A. des protéines homologues
- B. des protéines paralogues
- C. des protéines orthologues
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 27. Les diagrammes de type "2DSEC" (un exemple est donné à la figure 3) sont utilisés pour illustrer :

- A. des similarités de repliement
- B. des similarités de séquences
- C. Pour la figure 3, les 3 domaines appartiennent au même niveau "FOLD" de SCOP
- D. Pour la figure 3, les 3 domaines appartiennent à la même "TOPOLOGY" de CATH
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

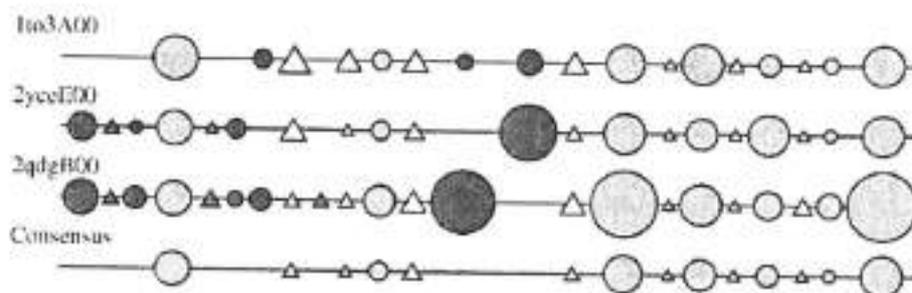


FIGURE 3

Question 28. Une identité de séquences de 50% entre 2 protéines contenant plus de 400 acides aminés chacune :

- A. peut correspondre à un seuil de similarité statistique sans signification biologique
- B. traduit très probablement une similarité de structure 3D
- C. traduit très probablement deux protéines homologues
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes I

Épreuve « acides nucléiques » - session I

L3 – S5 Licence mention Sciences du Vivant
parcours Biochimie, Biologie Moléculaire
parcours Biologie et Informatique
parcours Chimie et Biologie

Question 1. (12 points)

Pour chaque appariement de cette question:

- dessinez les désoxyribonucléotides monophosphatés en 5' en tenant compte des conformations préférées des différents constituants. Donnez le nom de ces conformations ;
 - précisez l'orientation des brins et justifiez votre réponse.
- a) Dessinez un appariement entre une thymidine et une adénosine impliquant les sites Watson-Crick des deux bases et permettant d'observer une orientation parallèle des deux brins. Justifiez votre réponse.
- b) Des appariements triples sont parfois observés entre une adénosine et deux thymidines. Utilisez le dessin précédent pour représenter un appariement triple entre une adénosine et deux thymidines sachant que pour la nouvelle interaction que vous ajoutez, les deux brins impliqués auront une orientation antiparallèle. Justifiez votre réponse.

Question 2. (5 points)

Décrivez et expliquez de manière détaillée comment se transforment la largeur et la profondeur des deux sillons d'une double hélice d'ADN lorsque l'on passe de la forme B à la forme A. Pourquoi observe-t-on ces modifications ?

Question 3. (3 points)

- 3.1. Citer quelques motifs protéiques fréquents des complexes entre ADN et protéines.
- 3.2. Avec quels sites des bases de la double hélice (les citer et les énoncer) les chaînes latérales de chaque motif protéique interagissent-elles ?

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes 1

L3 - S5 Licence des Sciences du Vivant
parcours Biochimie, Biologie Moléculaire
parcours Chimie et Biologie

Epreuve « Evaluation des connaissances de cours »

Durée 20 minutes

Question 1 : 12 points

Représentez la structure secondaire d'un ARN de transfert et annotez-en les différentes parties. (4 points)

Précisez le nombre de nucléotides situés dans chaque région (hélices et boucles). (4 points)

Entre quelles boucles se forment des interactions tertiaires ? (4 points)

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés au dessin.

Question 2 : 8 points

Parmi ces ribonucléosides, lesquels sont chargés ?

Dessiner tous ces nucléosides modifiés en indiquant la position éventuelle de la charge.

- (1) N6-méthyl-adénosine
- (2) N2-diméthyl-guanosine
- (3) 2'-O-méthyl-adénosine
- (4) N1-méthyl-adénosine.

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés aux dessins.

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences du Vivant
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Epreuve « Évaluation des connaissances de cours »

Durée 20 minutes

Question 1 : 12 points

Représentez la structure secondaire d'un ARN de transfert et annotez-en les différentes parties. (4 points)

Précisez le nombre de nucléotides situés dans chaque région (hélices et boucles). (4 points)

Entre quelles boucles se forment des interactions tertiaires ? Quels sont leurs rôles ? (4 points)

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés au dessin.

Question 2 : 8 points

a) Dans quel cas l'auto-catalyse de l'ARN s'apparente-t-elle chimiquement à l'épissage des introns nucléaires ? (4 points)

b) L'hydrolyse de l'ARN est-elle plus rapide à (1) pH alcalin ou (2) pH acide ? Pourquoi ? (4 points)

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences du Vivant
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Épreuve « Exercices d'applications »

Durée 40 minutes

SUJET A

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés au dessin.

Question 1 : 14 points

Pour chaque appariement de cette partie, vous dessinerez les **ribonucléosides** en tenant compte des conformations préférées des différents constituants et vous indiquerez sur le dessin le nom de ces conformations.

- (5 points)** Dessinez un appariement entre une guanine (appelée G1) et une cytosine (appelée C2) impliquant les sites Watson-Crick des deux bases et permettant d'observer une orientation antiparallèle des deux brins.
- (7 points)** Une interaction supplémentaire est observée entre G1 et une autre guanine (appelée G3) impliquant les sites Hoogsteen de G1. Cet appariement est un appariement *trans*. Sur le dessin précédent, dessinez ce nouveau appariement.
- (2 points)** Précisez si les brins sont parallèles ou antiparallèles dans le cas des appariements G1-G3 et C2-G3. Justifier vos réponses.

Question 2 : 6 points

Donner les caractéristiques structurales des hélices de forme A et B (paramètres hélicoïdaux, plissements des sucres, orientation de la base par rapport au sucre, orientation du groupement exocyclique O5' par rapport au sucre).

Décrire les formes et tailles des sillons dans les deux formes d'hélice.

L'usage des téléphones portables est interdit pendant toute la durée des épreuves, y compris lors de la préparation des épreuves orales. Les appareils doivent impérativement être éteints pendant les épreuves. Ils ne peuvent être que très rarement utilisés comme calculatrices ou enregistreurs. L'usage d'une calculatrice est limité à des appareils non programmables ne comportant ni codes graphiques ni de caractères alphanumériques. Le prêt d'une calculatrice à un autre candidat est strictement interdit.

Instructions relatives au formulaire de QCM

Les réponses sont à donner sur le formulaire ci-joint "Épreuves de type 3, réponses multiples et sélectives". Veuillez lire avec une très grande attention les instructions figurant sur le grille de réponses et compléter les cases correspondantes de la manière indiquée par les instructions. Veuillez lire attentivement les consignes et informations suivantes :

- Sur la première page du formulaire, complétez uniquement puis impérativement les 2 zones correspondant la code d'anonymat : Attention à l'ordre et ne faites aucun bled pour le code. Ne les faites dans la partie code de l'épreuve.
- Répondez avec complétude notée Qn situés sur la deuxième page du formulaire à par exemple pour la question 1, répondez sur la ligne commençant par Qn 1. Ne rien noter sur la troisième page du formulaire non complétement notée Qn.
- Pour chaque question à choix multiple, il existe toujours un ou une seule réponse exacte. Il faut trouver toutes les réponses correctes et uniquement les réponses correctes à chaque question pour obtenir les points correspondants à la question posée (en conséquence, il n'y a pas de points négatifs dans la notation, ni de points pour une réponse juste mais partielle à une question donnée).

Questions

Question 1

La figure 1 ci-dessous (page 2) représente une structure simplifiée de certains acides aminés. Il s'agit ici de donner le nom de l'acide aminé en reconnaissant le groupement porté par le carbone C_{α} . Sur la figure 1, on voit cependant une liaison (simple ou multiple) entre deux atomes qui ne sont pas des atomes d'hydrogène. Les liaisons impliquant des atomes d'hydrogène ne sont donc pas représentées. Sur les dessins, tous les atomes ont le même couleur. Attention, les dessins ne sont pas tous à la même échelle.

A titre indicatif, la nature des atomes de la "chaîne principale" est indiquée sur une ligne (figure 1c) pour servir de repère valable pour chacune des figures.

Quelle sont les acides aminés compatibles avec le schéma plan simplifié de la figure 1a ? Répondez en sélectionnant les lettres qui correspondent au code à une lettre des acides aminés possibles. Par exemple, si vous pensez que les réponses exactes pour la figure 1 sont A, S, R, complétez les 3 cases A, S et R. Si vous pensez qu'aucun acide aminé naturel n'est solution, complétez la case H. Les dessins ne sont pas à l'échelle entre eux.

Question 2. Reprendre la question 1 pour la figure 1b ci-dessous.

Question 3. Reprendre la question 1 pour la figure 1c ci-dessous.

Question 4. Reprendre la question 1 pour la figure 1d ci-dessous.

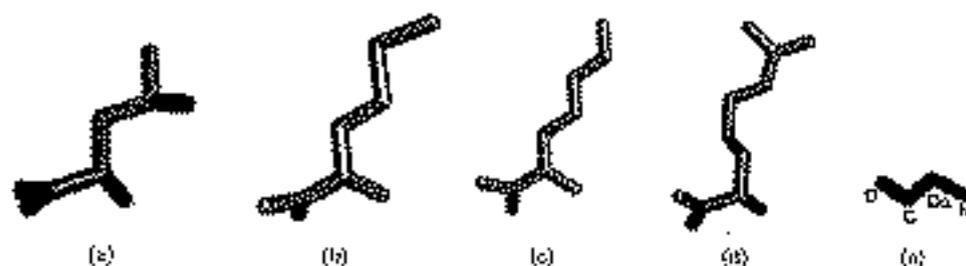


FIGURE 1

Question 5

La figure 1 ci-dessous reprend les conventions de la figure 1. Quels sont les acides aminés compatibles avec le schéma plus simplifié de la figure 2a ?

Question 6. Répondre la question 5 pour la figure 2b ci-dessous.

Question 7. Répondre la question 5 pour la figure 2c ci-dessous.

Question 8. Répondre la question 5 pour la figure 2d ci-dessous.

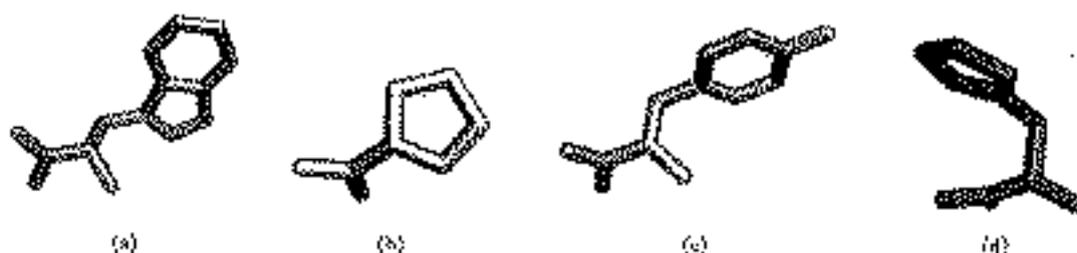


FIGURE 2

Question 9. Parmi les acides aminés W, Y, I, M, P, lequel est statistiquement le plus rare dans l'ensemble des séquences de protéines présentes dans la base de données "Swiss-Prot" ?

- Répondez en sélectionnant la lettre qui correspond au code à une lettre de l'acide aminé solution.

Question 10. Parmi les acides aminés F, E, W, L, P, lequel est statistiquement le plus courant dans l'ensemble des séquences de protéines présentes dans la base de données "Swiss-Prot" ?

- Répondez en sélectionnant la lettre qui correspond au code à une lettre de l'acide aminé solution.

Question 11. Dans la base de données SWISS-PROT,

- A. la distribution des tailles des séquences possède une moyenne de l'ordre du 150 acides aminés
- B. la distribution des tailles des séquences possède une moyenne de l'ordre de 550 acides aminés
- C. la distribution des tailles des séquences possède une moyenne de l'ordre de 650 acides aminés
- D. toutes les séquences de protéines contiennent moins de 1500 acides aminés
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 12. La figure 3 ci dessous représente 2 structures tridimensionnelles. D'après vos connaissances,

- A. ces 2 structures correspondent à 2 protéines différentes
- B. ces 2 structures peuvent représenter 2 conformations différentes de la même protéine
- C. vous n'avez pas assez d'informations pour répondre à la question



FIGURE 3

Question 13. La ligne A ci dessous est extraite d'un fichier de la "PDB".

	Col1	Col2	Col3	Col4	Col5	Col6	Col7	Col8	Col9	Col10
Ligne A	ATOM	806	NZ	315 A	42	10.044	32.238	30.259	1.00	10.00

- A. Les nombres présents dans les colonnes 6, 7, 8 (notés ici Col6, Col7, Col8) représentent des angles de torsion ϕ , ψ , ω
- B. Les nombres présents dans les colonnes 6, 7, 8 (notés ici Col6, Col7, Col8) représentent les coordonnées de position d'un atome de carbone dans l'espace
- C. Le nombre de la colonne 9 (noté ici Col9) représente le facteur d'occupation
- D. Les nombres présents sur cette ligne représentent les paramètres stériques d'un atome appartenant à la chaîne latérale d'une histidine de la chaîne B de la protéine.
- E. il y a au moins une erreur sur les informations données sur cette ligne
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 14. Les lignes ci dessous sont extraites d'un fichier de la "PDB".

	Co1	Co2	Co3	Co4	Co5	Co6	Co7	Co8	Co9	Co10	Co11
Ligne 1	ATOM	66	C	ATYR A	7	1.216	-0.887	-10.264	0.50	14.13	
Ligne 2	ANISOU	66	C	ATYR A	7	1684	1909	1777	-506	114	-230
Ligne 3	ATOM	67	C	BTYR A	8	1.004	-0.772	-10.567	0.50	20.50	
Ligne 4	ANISOU	67	C	BTYR A	8	2910	2272	2022	101	-238	-131

- la ligne 2 est la suite de la ligne 1 et représente le facteur de Debye-Waller isotrope de l'atome dont les positions sont indiquées en ligne 1
- la ligne 2 est la suite de la ligne 1 et représente le facteur de Debye-Waller anisotrope de l'atome dont les positions sont indiquées en ligne 1
- la ligne 4 est la suite de la ligne 3 et représente le facteur de Debye-Waller isotrope de l'atome dont les positions sont indiquées en ligne 2
- ces 4 lignes représentent 2 conformations possibles pour un atome de carbone de la chaîne A
- ces 4 lignes représentent 4 conformations possibles pour un atome de carbone de la chaîne A
- aucune des réponses présentes n'est exacte

Question 15. Pour les protéines globulaires, le diagramme de Ramachandran :

- permet de prédire les zones autorisées pour les angles (ϕ, ψ) avec $\omega = \pm 180^\circ$
- permet de prédire la structure tertiaire d'une protéine
- permet de prédire les structures secondaires présentes dans une protéine
- pour les acides aminés avec une configuration "L", il y aurait principalement 2 grands domaines autorisés : l'un centré autour de $(-65, +65)$ et l'autre centré autour de $(+120, -120)$
- pour la glycine, la surface occupée par les domaines autorisés représente plus de 40% de la surface totale
- pour l'isoleucine, la surface occupée par les domaines autorisés représente moins de 35% de la surface totale
- en première approximation, toutes la chaîne latérale d'un acide aminé est volumineuse, plus la surface des domaines autorisés est grande
- aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 16. Pour une protéine dont la structure 3D est connue avec précision, le diagramme de Ramachandran de cette protéine :

- permet de vérifier la conformation des chaînes latérales
- permet de vérifier la justesse locale du repliement
- est utilisé pour détecter la présence de structures secondaires non-régulières
- est utilisé pour prédire la structure quaternaire adoptée par la protéine
- aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 17. La figure 1 ci-dessous représente 2 configurations d'un acide aminé

- A. la figure 1A représente un acide aminé ayant une configuration L.
- B. la figure 1A représente un acide aminé ayant une configuration D.
- C. la figure 1B représente un acide aminé ayant une configuration L.
- D. la figure 1B représente un acide aminé ayant une configuration D.
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte



FIGURE 1

Question 18. Si un acide aminé d'une protéine naturelle a des angles (ϕ, ψ) dans le domaine du diagramme de Ramachandran centré autour de $(+60, \pm 60)$,

- A. cet acide aminé peut être partie d'une hélice gauche.
- B. c'est une erreur de conformation qui doit être corrigée.
- C. l'acide aminé glycine peut adopter cette conformation.
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte.

Question 19. La base de données "PDB-RCSE"

- A. contient actuellement plus 95000 "entrées"
- B. contient actuellement plus de 150000 "entrées"
- C. répertorie uniquement les structures de protéines
- D. contient actuellement plus de 30000 entrées correspondantes à des structures d'acides nucléiques
- E. plus de 80% des structures présentes ont été déterminées par la méthode de diffraction des rayons X sur des monocristaux
- F. plus de 80% des structures présentes ont été déterminées par RMN
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 20. La cristallographie est basée sur :

- A. L'interaction des rayons X avec principalement les électrons des atomes
- B. L'interaction des rayons X avec principalement les noyaux des atomes
- C. L'interaction d'un champ magnétique extérieur avec principalement les électrons des atomes
- D. L'interaction d'un champ magnétique extérieur avec principalement les noyaux des atomes

Question 21. Sur la figure 5, pour l'axe unitaire représenté

- A. l'angle de torsion noté 1 représente l'angle appelé ψ
- B. l'angle de torsion noté 1 représente l'angle appelé ϕ
- C. l'angle de torsion noté 1 représente l'angle appelé ω
- D. l'angle de torsion noté 2 représente l'angle appelé ψ
- E. l'angle de torsion noté 2 représente l'angle appelé ϕ
- F. l'angle de torsion noté 2 représente l'angle appelé ω
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte



FIGURE 5

Question 22. Dans les protéines naturelles, les liaisons peptidiques sont trouvées en conformation "cis" :

- A. très rarement, c'est à dire au moins de 10% des cas
- B. dans les structures de type bêta-feuille de type I
- C. dans les structures de type bêta-feuille de type II
- D. au grande majorité dans les structures secondaires non répétitives
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 23. Pour une hélice α :

- A. il y a 3,6 résidus par tour d'hélice
- B. les liaisons $C_{\alpha} - C_{\beta}$ sont globalement toutes dirigées vers l'extrémité carboxy-terminale de l'hélice
- C. les liaisons $O - C$ sont globalement toutes dirigées vers l'extrémité amino-terminale de l'hélice
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 24. Un diagramme de Ramachandran (cf. la figure 6) obtenu à partir de structures expérimentales correspond à un acide aminé particulier :

- A. il s'agit du diagramme spécifique à l'acide aminé glycine
- B. il s'agit du diagramme spécifique à l'acide aminé alanine
- C. il s'agit du diagramme spécifique à l'acide aminé asparagine
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

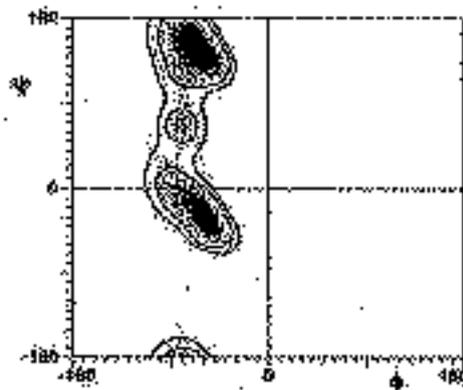


FIGURE 6

Question 25. La figure 7 représente la doublet électronique (résultat final de l'expérience de cryo-microscopie) d'un fragment peptidique. Les cas A, B, C, D, E, F représentent 6 résolutions expérimentales différentes à savoir 0,05Å ; 1Å ; 1,5Å ; 2Å ; 3Å ; 5Å. Le but de l'exercice est de retrouver la bonne correspondance.

- A. la figure 7E correspond à la résolution 2Å
- B. la figure 7C correspond à la résolution 0,05Å
- C. la figure 7A correspond à la résolution 5Å
- D. la figure 7D correspond à la résolution 3Å
- E. la figure 7B correspond à la résolution 1Å
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

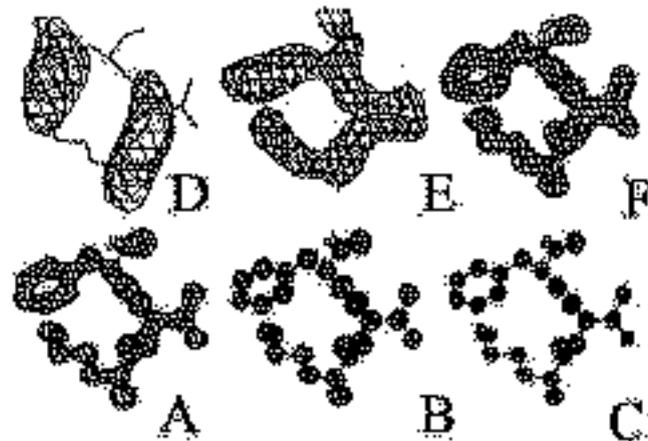


FIGURE 7

Question 26. La figure 7 représente

- A. une topologie de type char-grappe
- B. une topologie de type immunoglobuline
- C. une topologie de type globulaire
- D. une topologie de type "jelly roll"
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

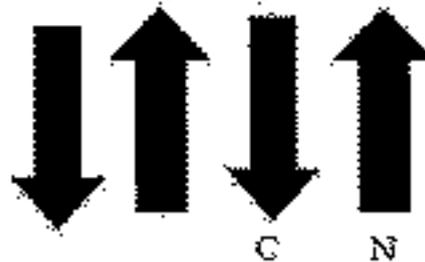


FIGURE 8

L'usage des téléphones portables est interdit pendant toute la durée des épreuves. Les appareils doivent impérativement être éteints pendant les épreuves. Ils ne peuvent donc pas être utilisés comme chronomètre ou calculatrice. L'usage d'une calculatrice est limité à des appareils non programmables ne comportant ni écran graphique et ni de caractères alphanumériques. Le prêt d'une calculatrice à un autre candidat est strictement interdit.

Instructions relatives au formulaire de QCM

Les réponses sont à donner sur le formulaire ci-joint "Epreuves de type 3, réponses numériques et alphanumériques". **Veillez lire avec une très grande attention les instructions figurant sur la grille de réponses et complétez les cases correspondantes de la manière indiquée par les instructions.**

Veillez lire attentivement les consignes et informations suivantes :

- **Sur la première page du formulaire, complétez uniquement mais impérativement les 2 zones demandant le code d'anonymat** : Attention à l'ordre et au format demandé pour le codage. Ne rien écrire dans la partie code de l'épreuve.
- **Répondez aux emplacements notés Qa situés sur la deuxième page du formulaire** : par exemple pour la question 1, répondez sur la ligne commençant par **Qa 1**. Ne rien écrire sur la première page du formulaire aux emplacements notés Qn.
- Pour chaque question à choix multiple, il existe toujours au moins une réponse exacte. Il faut trouver toutes les réponses correctes et uniquement les réponses correctes à chaque question pour obtenir les points correspondants à la question posée (en conséquence, il n'y a pas de points négatifs dans la notation, ni de points pour une réponse juste mais partielle à une question donnée).

Questions

Question 1

La figure 1 représente une structure simplifiée de 5 acides aminés consécutifs d'une protéine. Sur la figure 1, un trait représente une liaison (simple ou multiple) entre deux atomes qui ne sont pas des atomes d'hydrogène. Les liaisons impliquant des atomes d'hydrogène ne sont donc pas représentées. Sur les dessins, tous les atomes ont ici la même couleur. Parmi les choix ci-dessous, donnez la (ou les) séquences possibles pour cette portion de la protéine (code à 1 lettre, dans le sens de numérotation classique de la protéine, de l'extrémité N-term vers l'extrémité C-term pour le peptide).

- A. EMPTI
- B. ITFME
- C. DMFTI
- D. QKFTI
- E. NMFVI
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

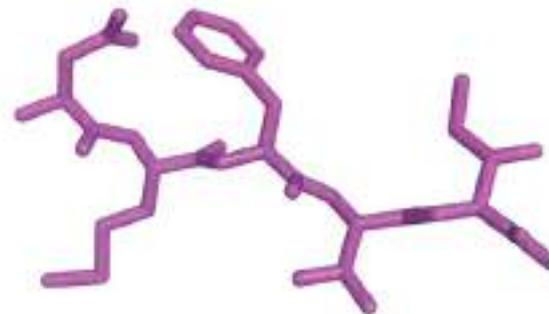


FIGURE 1

Question 2. Parmi les acides aminés W, Y, G, M, P, lequel est statistiquement le plus rare dans l'ensemble des séquences de protéines présentes dans la base de données "Swiss-Prot" :

• Répondez en sélectionnant la lettre qui correspond au code à une lettre de l'acide aminé solution.

Question 3. Parmi les acides aminés H, P, W, L, Q, lequel est statistiquement le plus courant dans l'ensemble des séquences de protéines présentes dans la base de données "Swiss-Prot" :

• Répondez en sélectionnant la lettre qui correspond au code à une lettre de l'acide aminé solution.

Question 4. Si un acide aminé d'une protéine naturelle a des angles (ϕ, ψ) dans le domaine du diagramme de Ramachandran centré autour de $(-60, -60)$,

- A. cet acide aminé peut fait partie d'une hélice droite
- B. c'est une erreur de construction qui doit être corrigée
- C. seul l'acide aminé glycine peut adopter cette conformation
- D. c'est une conformation à priori possible pour tous les acides aminés
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 5. La figure 2 ci-dessous représente une structure simplifiée de 6 acides aminés consécutifs d'une protéine. Sur la figure 2, un trait représente une liaison (simple ou multiple) entre deux atomes qui ne sont pas des atomes d'hydrogène. Les liaisons impliquant des atomes d'hydrogène ne sont donc pas représentées. Sur les dessins, tous les atomes ont ici la même couleur.

Parmi les choix ci-dessous, donnez la (ou les) séquences possibles pour cette portion de la protéine (code à 1 lettre, dans le sens de numérotation classique de la protéine, de l'extrémité N-term vers l'extrémité C-term pour le peptide en question).

- A. SMALRH
- B. HRDGKC
- C. SKALRH
- D. HSMGLR
- E. HRLGKS
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

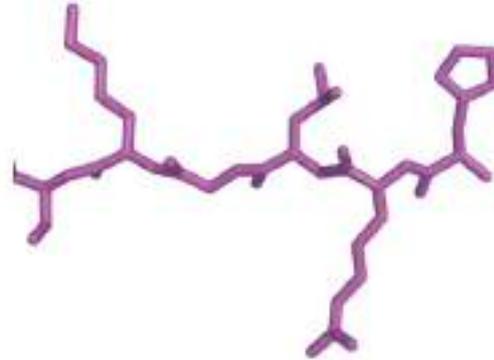


FIGURE 2

Question 6. Pour les protéines globulaires, le diagramme de Ramachandran :

- A. permet de prédire les zones autorisées pour les angles (ϕ, ψ) avec $\omega = +180^\circ$
- B. permet de prédire les structures secondaires présentes dans une protéine.
- C. permet de prédire le repliement d'une protéine.
- D. pour les acides aminés avec une configuration "L", il y aurait principalement 2 grands domaines autorisés : l'un centré autour de $(+60, -60)$ et l'autre centré autour de $(+120, -120)$
- E. pour une protéine donnée, le diagramme de Ramachandran est calculé à partir de la structure 3D de la protéine
- F. pour la glycine, la surface occupée par les domaines autorisés représente plus de 40% de la surface totale
- G. pour l'isoleucine, la surface occupée par les domaines autorisés représente moins de 35% de la surface totale
- H. en première approximation, moins la chaîne latérale d'un acide aminé est volumineuse, plus la surface des domaines autorisés est grande
- I. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 7. La figure 3 représente la distribution des tailles des séquences des protéines (en nombre d'acides aminés) de la base de données SWISS-PROT. La graduation sur l'axe des abscisses a été masquée. Il s'agit ici de retrouver les valeurs de X,Y,Z

- A. $X = 100, Y = 200, Z = 300,$
- B. $X = 200, Y = 400, Z = 600,$
- C. $X = 450, Y = 650, Z = 850,$
- D. $X = 400, Y = 600, Z = 800$

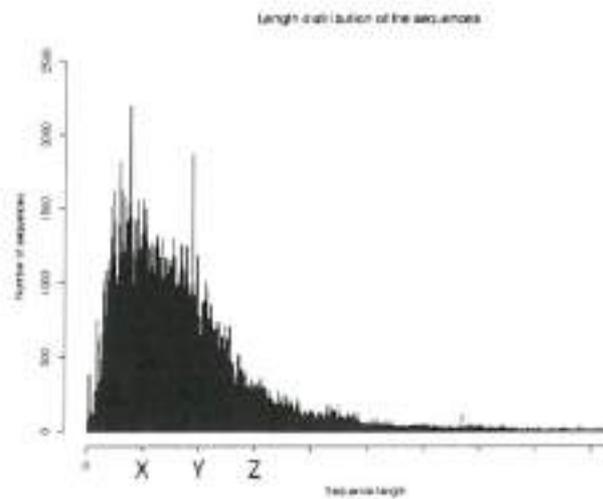


FIGURE 3

Question 8. La figure 4 ci dessous représente 2 structures tridimensionnelles. D'après vos connaissances,

- A. ces 2 structures correspondent à 2 protéines différentes
- B. ces 2 structures peuvent représenter 2 conformations différentes de la même protéine
- C. c'est 2 conformations différentes de la même protéine avec un changement de conformation due à la fixation d'un petit ligand
- D. vous n'avez pas assez d'informations pour répondre à la question

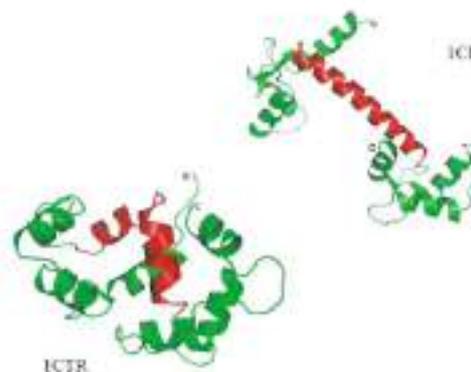


FIGURE 4

Question 9. La ligne A ci dessous est extraite d'un fichier de la "PDB".

	Col1	Col2	Col3	Col4	Col5	Col6	Col7	Col8	Col9	Col10
Ligne A	ATOM	896	CZ	HIS A	40	10.044	12.210	10.239	1.00	10.05

- A. Les nombres présents dans les colonnes 6, 7, 8 (notées ici Col6, Col7, Col8) représentent des coordonnées atomiques
- B. Les nombres présents dans les colonnes 6, 7, 8 (notées ici Col6, Col7, Col8) représentent les coordonnées de position d'un atome d'azote dans l'espace
- C. Le nombre de la colonne 9 (notée ici Col9) représente le facteur d'occupation
- D. Le nombre de la colonne 10 (notée ici Col10) représente le facteur d'agitation thermique
- E. Les nombres présents sur cette ligne représentent les paramètres atomiques d'un atome appartenant à la chaîne latérale d'une histidine de la chaîne A de la protéine.
- F. il y a au moins une erreur sur les informations données sur cette ligne
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 10. Les lignes ci dessous sont extraites d'un fichier de la "PDB".

	Col1	Col2	Col3	Col4	Col5	Col6	Col7	Col8	Col9	Col10	Col11
Ligne 1	ATOM	66	CD1	ATYR A	7	1.118	-9.657	-10.284	0.50	14.13	
Ligne 2	ANISOU	66	CD1	ATYR A	7	1684	1908	1777	-508	114	-230
Ligne 3	ATOM	67	CD1	BTYR A	7	1.064	-9.772	-10.567	0.50	20.56	
Ligne 4	ANISOU	67	CD1	BTYR A	7	2919	2272	2622	101	-218	-131

- A. la ligne 2 est la suite de la ligne 1 et représente le facteur de Debye-Waller isotrope de l'atome dont les positions sont indiquées en ligne 1
- B. la ligne 2 est la suite de la ligne 1 et représente le facteur de Debye-Waller anisotrope de l'atome dont les positions sont indiquées en ligne 1
- C. la ligne 4 est la suite de la ligne 3 et représente le facteur de Debye-Waller isotrope de l'atome dont les positions sont indiquées en ligne 2
- D. ces 4 lignes représentent 2 conformations possibles pour un atome de carbone de la chaîne A
- E. ces 4 lignes représentent 4 conformations possibles pour un atome de carbone de la chaîne A
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 11. Pour une protéine dont la structure 3D est connue avec précision, le diagramme de Ramachandran de cette protéine :

- A. permet de repérer des erreurs possibles de construction
- B. permet de vérifier la justesse locale du repliement
- C. est utilisé pour détecter la présence de structures secondaires non-répétitives.
- D. est utilisé pour prédire la structure quaternaire adoptée par la protéine
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 12. La figure 5 ci dessous représente 2 énantiomères d'un acide aminé

- A. la figure 5A représente un acide aminé ayant une configuration D
- B. la figure 5A représente un acide aminé ayant une configuration L
- C. la figure 5B représente un acide aminé ayant une configuration L
- D. la figure 5B représente un acide aminé ayant une configuration D
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

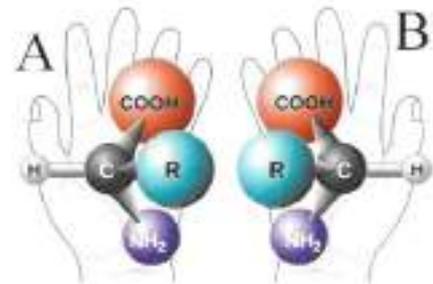


FIGURE 5

Question 13. La base de données "PDB-RCSB"

- A. contient actuellement plus 110000 "entrées"
- B. contient actuellement plus de 150000 "entrées"
- C. répertorie uniquement les structures de protéines
- D. contient actuellement plus de 15000 entrées correspondant à des structures d'acides nucléiques
- E. environ 89% des structures présentes ont été déterminées par la méthode de diffraction des rayons X sur des monocristaux
- F. environ 10% des structures présentes ont été déterminées par RMN
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 14. La cristallographie est fondée sur :

- A. L'interaction des rayons X avec principalement les électrons des atomes
- B. L'interaction des rayons X avec principalement les noyaux des atomes
- C. L'interaction d'un champ magnétique extérieur avec principalement les électrons des atomes
- D. L'interaction d'un champ magnétique extérieur avec principalement les noyaux des atomes

Question 15. Dans les protéines naturelles, les liaisons peptidiques sont trouvées en conformation "cis" :

- A. rarement, c'est à dire ici moins de 10% des cas
- B. dans les structures de type polyproline de type I
- C. dans les structures de type polyproline de type II
- D. en grande majorité dans les structures secondaires non répétitives
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 16. Pour l'acide aminé représenté dans la figure 6,

- A. l'angle de torsion noté 1 représente l'angle appelé ψ
- B. l'angle de torsion noté 1 représente l'angle appelé ϕ
- C. l'angle de torsion noté 1 représente l'angle appelé ω
- D. l'angle de torsion noté 2 représente l'angle appelé ψ
- E. l'angle de torsion noté 2 représente l'angle appelé ϕ
- F. l'angle de torsion noté 2 représente l'angle appelé ω
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

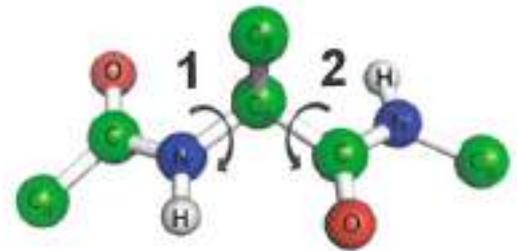


FIGURE 6

Question 17. Le diagramme de Ramachandran de la figure 7 a été obtenu à partir de structures expérimentales pour un acide aminé particulier.

- A. ce diagramme correspond à l'acide aminé proline
- B. ce diagramme correspond à l'acide aminé glycine
- C. ce diagramme correspond à l'acide aminé asparagine
- D. aucune des réponses précédentes n'est exacte

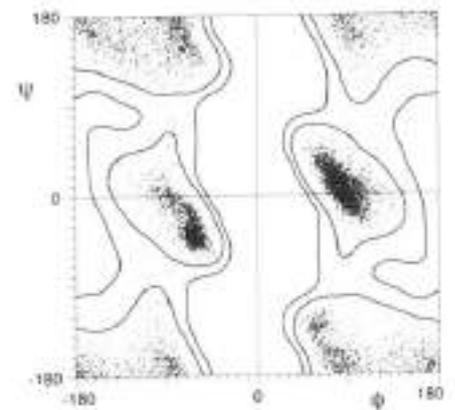


FIGURE 7

Question 18. On appelle repliement :

- A. un arrangement donné pour une structure tertiaire
- B. un domaine avec une fonction biologique connue
- C. la structure quaternaire d'une protéine multi-chaînes
- D. un domaine avec une seule fonction biologique
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 19. La figure 8 représente la densité électronique (résultat final de l'expérience de biocristallographie) d'un fragment peptidique. Les cas A,B,C,D,E,F représentent 6 résolutions expérimentales différentes à savoir 0,65Å ; 1Å ; 1,5Å ; 2Å ; 3Å ; 5Å. Le but de l'exercice est de retrouver la bonne correspondance.

- A. la figure 8A correspond à la résolution 0,65Å
- B. la figure 8B correspond à la résolution 5Å
- C. la figure 8C correspond à la résolution 3Å
- D. la figure 8E correspond à la résolution 1Å
- E. la figure 8D correspond à la résolution 2Å
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

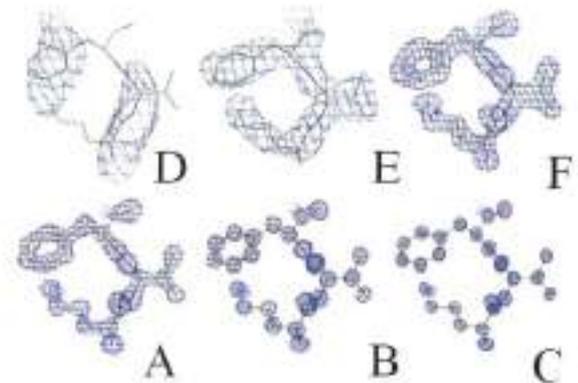


FIGURE 8

Question 20. La figure 9a représente

- A. une topologie de type "up and down barrel"
- B. une topologie de type "histone fold"
- C. une topologie de type immunoglobuline
- D. une topologie de type globine
- E. une topologie de type "TIM barrel"
- F. une topologie de type "jelly roll"
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 21. La figure 9b représente

- A. une topologie de type clé grecque
- B. une topologie de type "up and down barrel"
- C. une topologie de type "histone fold"
- D. une topologie de type immunoglobuline
- E. une topologie de type globine
- F. une topologie de type "TIM barrel"
- G. une topologie de type "jelly roll"
- H. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 22. La figure 9c représente

- A. une topologie de type clé grecque
- B. une topologie de type "up and down barrel"
- C. une topologie de type "histone fold"
- D. une topologie de type immunoglobuline
- E. une topologie de type globine
- F. une topologie de type "TIM barrel"
- G. une topologie de type "jelly roll"
- H. aucune des réponses précédentes n'est exacte

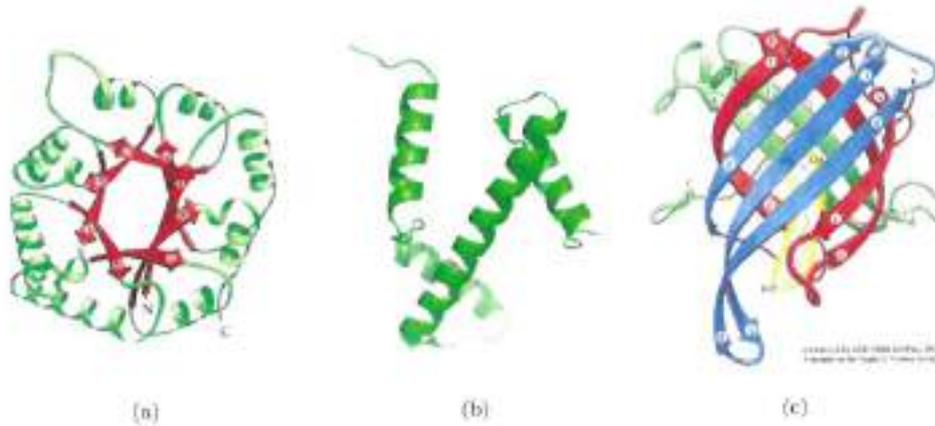


FIGURE 9

Question 23. La figure 10 représente une structure déposée à la PDB. Il pourrait s'agir d'une structure correspondant à :

- A. un complexe entre une aminoacyl-ARNt synthétase et un ARNt
- B. un complexe entre la TBP et la TATA-BOX
- C. un complexe ribosomique
- D. un complexe d'interaction entre une protéine d'une coque virale et un fragment d'ADN
- E. un sous-complexe du nucleosome
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

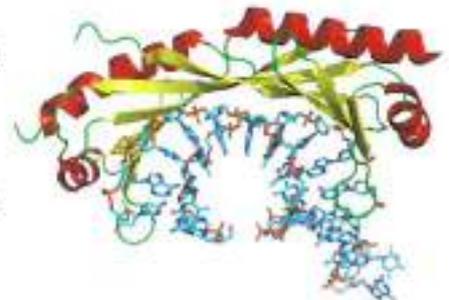


FIGURE 10

Question 24. La figure 11 représente 3 exemples de repliement de type :

- A. clé grecque
- B. "up and down barrel"
- C. "histone fold"
- D. immunoglobuline
- E. globine
- F. "TIM barrel"
- G. "jelly roll"
- H. aucune des réponses précédentes n'est exacte.

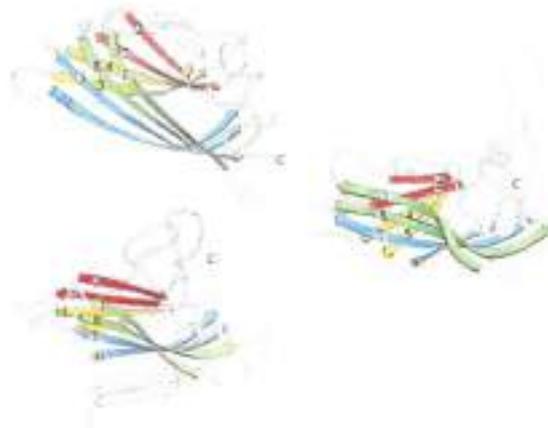


FIGURE 11

Question 25. La figure 12 représente les 3 types d'hélices les plus courant dans les protéines :

- A. la figure 12A représente une hélice α
- B. la figure 12A représente une hélice $3_6/3_3$
- C. la figure 12B représente une hélice $4_4/1_6$
- D. la figure 12B représente une hélice π
- E. la figure 12C représente une hélice 3_{10}
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

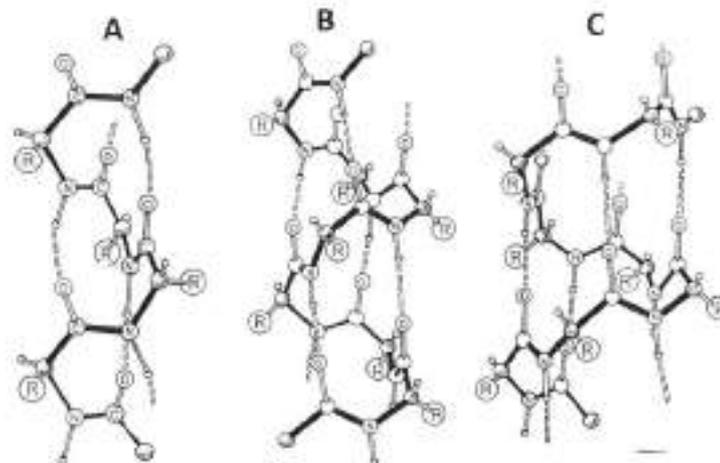


FIGURE 12

L'usage des téléphones portables est interdit pendant toute la durée des épreuves. Les appareils doivent impérativement être éteints pendant les épreuves. Ils ne peuvent donc pas être utilisés comme chronomètre ou calculatrice. L'usage d'une calculatrice est limité à des appareils non programmables ne comportant ni écran graphique et ni de caractères alphanumériques. Le prêt d'une calculatrice à un autre candidat est strictement interdit.

Instructions relatives au formulaire de QCM

Les réponses sont à donner sur le formulaire ci-joint "Épreuves de type 3, réponses numériques et alphanumériques". **Veillez lire avec une très grande attention les instructions figurant sur la grille de réponses et complétez les cases correspondantes de la manière indiquée par les instructions.** Veuillez lire attentivement les consignes et informations suivantes :

- Sur la première page du formulaire, complétez uniquement mais impérativement les 2 zones demandant le code d'anonymat : Attention à l'ordre et au format demandé pour le codage. Ne rien écrire dans la partie code de l'épreuve.
- Pour chaque question à choix multiple, il existe toujours au moins une réponse exacte. Il faut trouver toutes les réponses correctes et uniquement les réponses correctes à chaque question pour obtenir les points correspondants à la question posée (en conséquence, il n'y a pas de points négatifs dans la notation, ni de points pour une réponse juste mais partielle à une question donnée).
- Ne rien écrire sur la première page du formulaire aux emplacements notés Qn.
- Répondez aux emplacements notés Qa situés sur la deuxième page du formulaire

Pour ce "contrôle continu 2 (CC2)" de Janvier 2016

- Ne rien écrire sur les emplacements notés Qa1 à Qa29. Commencez à répondre sur le formulaire à partir de la question Qa30.
- Pour la question 30, répondez sur la ligne commençant par "Qa 30", puis continuez en séquentiel pour les autres questions.

Questions

Question 30. Les aminoacyl-ARNt synthétases se caractérisent par :

- A. deux topologies différentes pour le domaine catalytique
- B. un seul type de repliement pour le module de reconnaissance de l'anticodon de l'ARNt
- C. la présence systématique d'un domaine avec un repliement de type "OB-fold" à l'extrémité amino-terminale du site actif ou à l'extrémité carboxy-terminale du site actif
- D. un repliement de type "TIM barrel" pour le domaine catalytique des aminoacyl-ARNt synthétases de classe I
- E. un repliement de type "TIM barrel" pour le domaine catalytique des aminoacyl-ARNt synthétases de classe II
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 31. Le repliement de type "Rossmann Fold"

- A. contient classiquement un tonneau à 8 brins β parallèles
- B. représente un arrangement structural ayant toujours la même fonction biologique
- C. les domaines adoptant ce repliement ont une très forte conservation de séquence entre eux
- D. comprend plus de 30 super-familles dans SCOP
- E. est un repliement caractéristique des virus à symétrie icosaédrique
- F. est un domaine qui peut fixer les molécules suivantes : ATP, GTP, FAD, NAD
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 32. Un repliement de type "domaine constant des IgGs" classique contient :

- A. un tonneau déformé à 4 brins β parallèles
- B. un tonneau déformé à 9 brins β parallèles
- C. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β antiparallèles et l'autre à 5 brins β antiparallèles
- D. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β parallèles et l'autre à 5 brins β antiparallèles
- E. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β antiparallèles et l'autre à 5 brins β parallèles
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 33. Ci dessous un extrait de l'article de Jane S. Richardson and David C. Richardson, Biophysical Journal Volume 106 February 2014 510-525, article donné en cours, mise en ligne sur l'espace Moodle. Plusieurs mots ont été masqués et représentés par les symboles XXXX, YYYY, ZZZZ.

Free-electron laser XXXX is without question the most spectacular new technical development in the field. A jet of droplets with YYYY is sent past a beam of ZZZZ x-ray laser pulses, and diffraction is recorded before the crystal has time to explode. This has the potential for determining otherwise intractable molecular structures and for accessing rapid time steps.

- A. le mot caché par "XXXX" est "NMR"
- B. le mot caché par "XXXX" est "cryo-EM"
- C. le mot caché par "XXXX" est "crystallography"

- D. le mot caché par "YYYY" est "millions of crystals"
- E. le mot caché par "YYYY" est "nanocrystals"
- F. le mot caché par "YYYY" est "pseudo crystals"

- G. le mot caché par "ZZZZ" est "femtosecond"
- H. le mot caché par "ZZZZ" est "millisecond"
- I. le mot caché par "ZZZZ" est "minute"
- J. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 34. Un repliement de type "domaine variable des IgGs" classique contient :

- A. un tonneau déformé à 5 brins β parallèles
- B. un tonneau déformé à 7 brins β parallèles
- C. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β antiparallèles et l'autre à 3 brins β antiparallèles
- D. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β parallèles et l'autre à 3 brins β antiparallèles
- E. 2 feuillets β , l'un à 4 brins β antiparallèles et l'autre à 3 brins β parallèles
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 35. A votre avis, les statistiques de SCOP-e à ce jour sont :

- A. 71015 structures, 203026 domaines, 1208 repliements
- B. 38221 structures, 110800 domaines, 1195 repliements,
- C. 114569 structures, 327570 domaines, 1250 repliements
- D. 114569 structures, 38221 domaines, 1195 repliements,

Question 36. La figure 1 représente un repliement de type :

- A. "TIM barrel"
- B. "domaine variable des IgGs" classique
- C. "domaine constant des IgGs" classique
- D. "OB fold"
- E. "Rossmann fold"
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

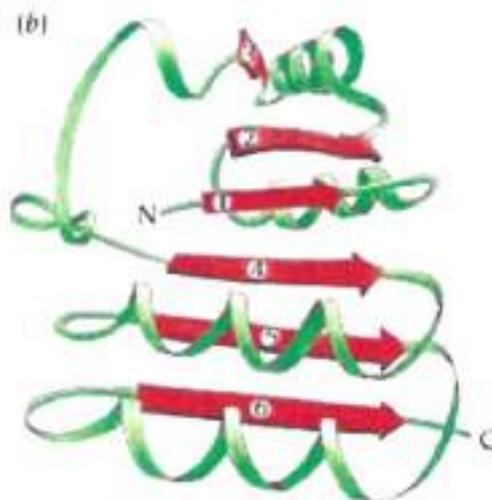


FIGURE 1

Question 37. Un repliement noté A contient dans SCOP-e plus de 30 "super-familles". A votre avis, le (les) repliement(s) compatible(s) avec cette assertion est (sont) :

- A. repliement protéases à serine type subtilisine
- B. repliement "TIM barrel"
- C. repliement "OB fold"
- D. repliement des aminoacyl-ARNt synthetase de classe I
- E. repliement des aminoacyl-ARNt synthetase de classe II
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 38. La Figure 2 ci-dessous représente

- A. un repliement de type "domaine variable des IgGs" classique
- B. un repliement de type "domaine constant des IgGs" classique
- C. un repliement de type "Jelly-Roll"
- D. un repliement de type "Toll"
- E. un repliement de type "myoglobin"
- F. aucune des réponses précédentes n'est exacte

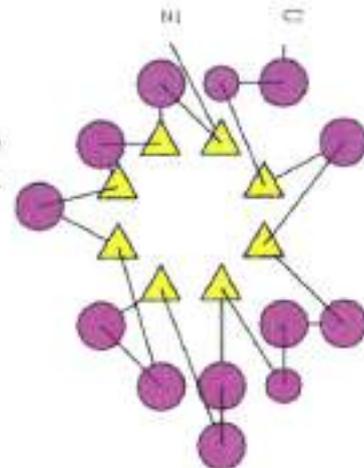


FIGURE 2

Question 39. Les diagrammes de type "2DSEC" (un exemple est donné à la figure 3) sont utilisés pour illustrer :

- A. des similarités de repliement
- B. des similarités de séquences
- C. Pour la figure 3, les 3 domaines appartiennent au même niveau "FOLD" de SCOP
- D. Pour la figure 3, les 3 domaines appartiennent à la même "TOPOLOGY" de CATH
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

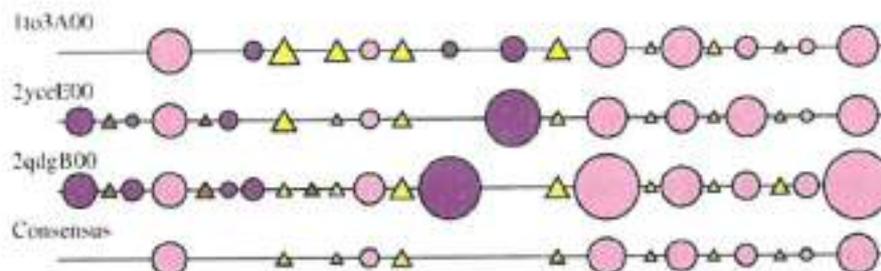


FIGURE 3

Question 40. Pour les protéines homologues, un aspect important dans l'évolution concerne l'étude de la déformation des structures en fonction de la variabilité en séquence. La figure 4 représente pour des protéines homologues l'évolution du "RMSD" après superpositions des structures en fonction de l'identité entre les séquences. Malheureusement la signification des axes (X,Y) et les valeurs repères (X_1 , X_2 , Y_1 , Y_2) ne sont pas indiqués sur la figure 4. Selon vous, sur la figure 4 :

- A. l'axe des X représente le RMSD exprimé en Å
- B. l'axe des Y représente le pourcentage d'identité exprimé en %
- C. X_1 représente 0 %
- D. X_2 représente environ 20 %
- E. Y_1 représente environ 0,5Å
- F. Y_2 représente environ 2,0Å
- G. aucune des réponses précédentes n'est exacte

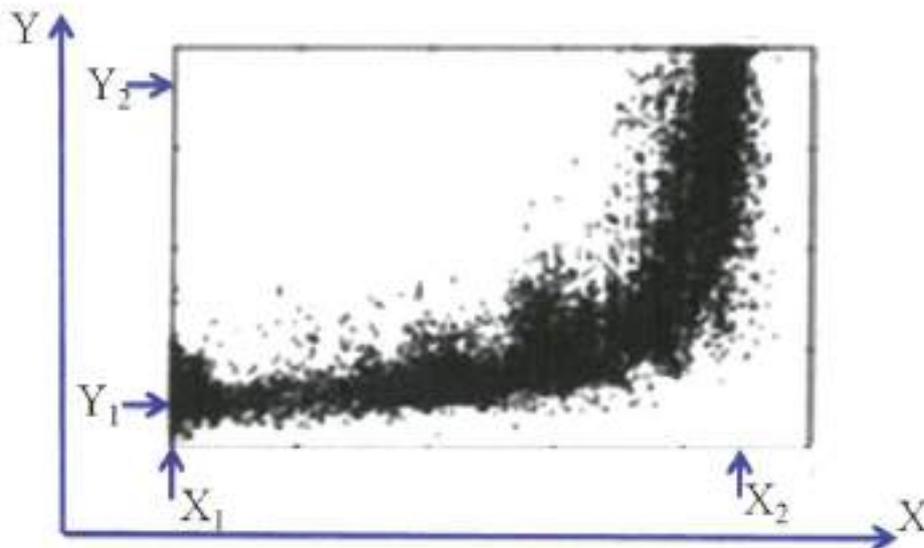


FIGURE 4

Question 41. Une identité de séquences de 30% entre 2 protéines contenant moins de 100 acides aminés :

- A. indique que les deux protéines appartiennent à une même super-famille de "SCOP"
- B. traduit très probablement une similarité de structure 3D
- C. traduit très probablement deux protéines homologues
- D. peut correspondre à un seuil de similarité statistique sans signification biologique
- E. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 42. Ci dessous un extrait de l'article de Patrick Cramer "A Tale of Chromatin and Transcription in 100 Structures", Cell 159, November 20, 2014, article donné en cours, mise en ligne sur l'espace Moodle. Plusieurs mots ont été masqués et représentés par les symboles **XXXX**, **YYYY**, **ZZZZ**

Toward Structural **XXXX**

In the coming years, X-ray crystallography will likely continue to provide landmark structures that elucidate unknown mechanisms in chromatin and transcription biology. However, many proteins that function in chromatin and transcription are modular by design. To resolve the structure of flexible factors and transient multicomponent complexes, crystallography will often be integrated with complementary techniques.

Of particular importance will be **YYYY**, which enables placement of crystal structures of complex components but can now also reach high resolution that enables building of atomic models. Crosslinking and **ZZZZ** will be routinely used to derive the relative position of known structures and to support models obtained by a combination of **YYYY** and crystallography. A central future challenge will be the analysis of molecular structures within their cellular context and of structural changes in space and time. Advanced light microscopy techniques can now resolve detailed structures of assemblies such as nuclear pore complexes or the cytoskeleton. A combination of in vivo crosslinking with deep sequencing and computer simulations can elucidate the overall folding of chromosomes. Electron tomography provides three-dimensional images of the nuclear pore complex"

- A. le mot caché par "XXXX" est "NMR"
- B. le mot caché par "XXXX" est "Cell biology"
- C. le mot caché par "XXXX" est "crystallography"
- D. le mot caché par "XXXX" est "Integrated biochemistry"
- E. le mot caché par "XXXX" est "electron microscopy"

- F. le mot caché par "YYYY" est "NMR"
- G. le mot caché par "YYYY" est "Cell biology"
- H. le mot caché par "YYYY" est "fluorescence anisotropy"
- I. le mot caché par "YYYY" est "electron microscopy"
- J. le mot caché par "YYYY" est "biochemistry"

- K. le mot caché par "ZZZZ" est "crystallography"
- L. le mot caché par "ZZZZ" est "Cell biology"
- M. le mot caché par "ZZZZ" est "mass spectrometry"
- N. le mot caché par "ZZZZ" est "electron microscopy"
- O. le mot caché par "ZZZZ" est "biochemistry"
- P. aucune des réponses précédentes n'est exacte

Question 43. Le lien entre l'homologie entre 2 protéines et le pourcentage d'identité entre leurs séquences est un critère important dans l'étude des protéomes. La figure 5 représente pour des domaines quelconques non homologues, après alignements de leurs séquences (2 à 2), la variation du pourcentage d'identité entre les séquences en fonction de la longueur de l'alignement. Ce graphe traduit donc l'identité de séquence que l'on peut obtenir "par hasard", c'est à dire sans signification biologique.

Malheureusement la signification des axes (X,Y) et les valeurs repères (X_1 , X_2 , Y_1 , Y_2) ne sont pas indiqués sur la figure 5. Selon vous, sur la figure 5 :

- A. l'axe des X la longueur de l'alignement de séquences
- B. l'axe des Y représente le pourcentage d'identité entre 2 séquences
- C. X_1 représente environ 250 acides aminés
- D. X_2 représente environ 300 acides aminés
- E. Y_1 représente environ 20% d'identité
- F. Y_1 représente environ 60% d'identité
- G. Y_2 représente environ 40% d'identité
- H. aucune des réponses précédentes n'est exacte

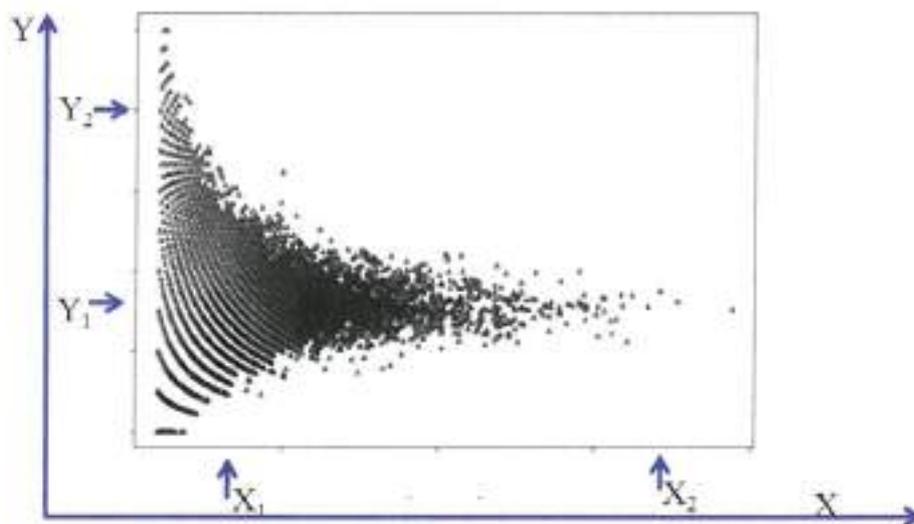


FIGURE 5

L'usage des téléphones portables est interdit pendant toute la durée des épreuves. Les appareils doivent impérativement être éteints pendant les épreuves. Ils ne peuvent donc pas être utilisés comme chronomètre ou calculatrice. L'usage d'une calculatrice est limité à des appareils non programmables ne comportant ni écran graphique et ni de caractères alphanumériques. Le prêt d'une calculatrice à un autre candidat est strictement interdit.

Comme indiqué et expliqué en cours, l'examen porte sur l'analyse commentée de figures issues du cours. Ces 4 figures ont été utilisées dans le cours pour illustrer un concept, une méthode, des résultats expérimentaux. Dans chaque question, il faudra donc replacer chaque figure dans son contexte et commenter la figure en faisant une synthèse des points développés dans le cours pour chaque figure.

Votre synthèse devra être claire, lisible, compréhensible, et devra adopter une démarche structurée.

Question 1

Commentez la figure 1 en la re-situant dans le contexte du cours : de quoi s'agit-il, quel est le concept/méthode développée(e), qu'avez vous retenu de cette partie du cours ?

Question 2

Commentez la figure 2 en la re-situant dans le contexte du cours : de quoi s'agit-il, quel est le concept/méthode développée(e), qu'avez vous retenu de cette partie du cours ?

Question 3

Commentez la figure 3 en la re-situant dans le contexte du cours : de quoi s'agit-il, quel est le concept/méthode développée(e), qu'avez vous retenu de cette partie du cours ?

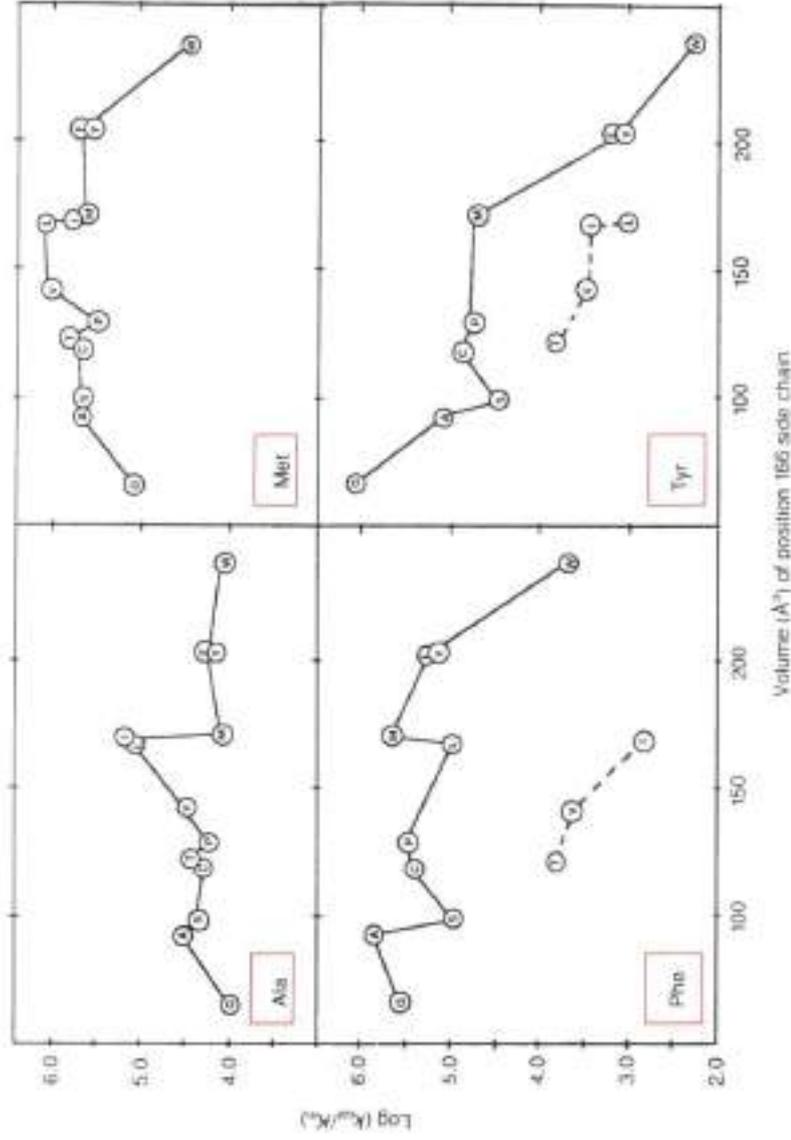
Question 4

Commentez la figure 4 en la re-situant dans le contexte du cours : de quoi s'agit-il, quel est le concept/méthode développée(e), qu'avez vous retenu de cette partie du cours ?

Figure 1

YFHS 13 - August 1988

293



K.J. Nicen and J.A.M. Leunissen

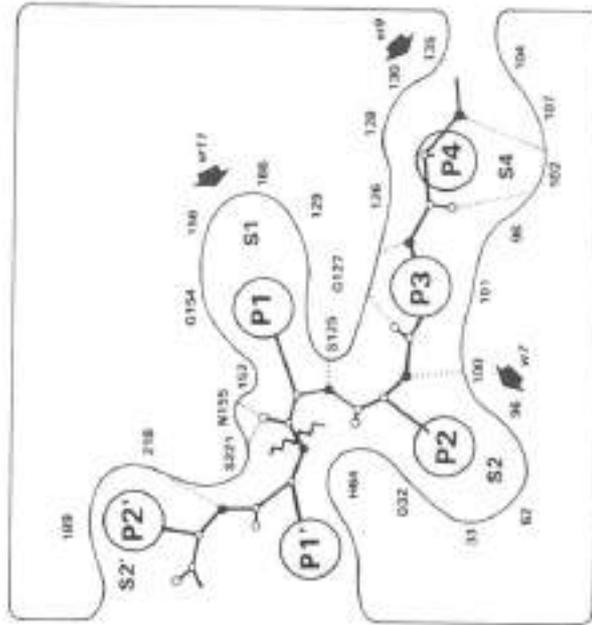
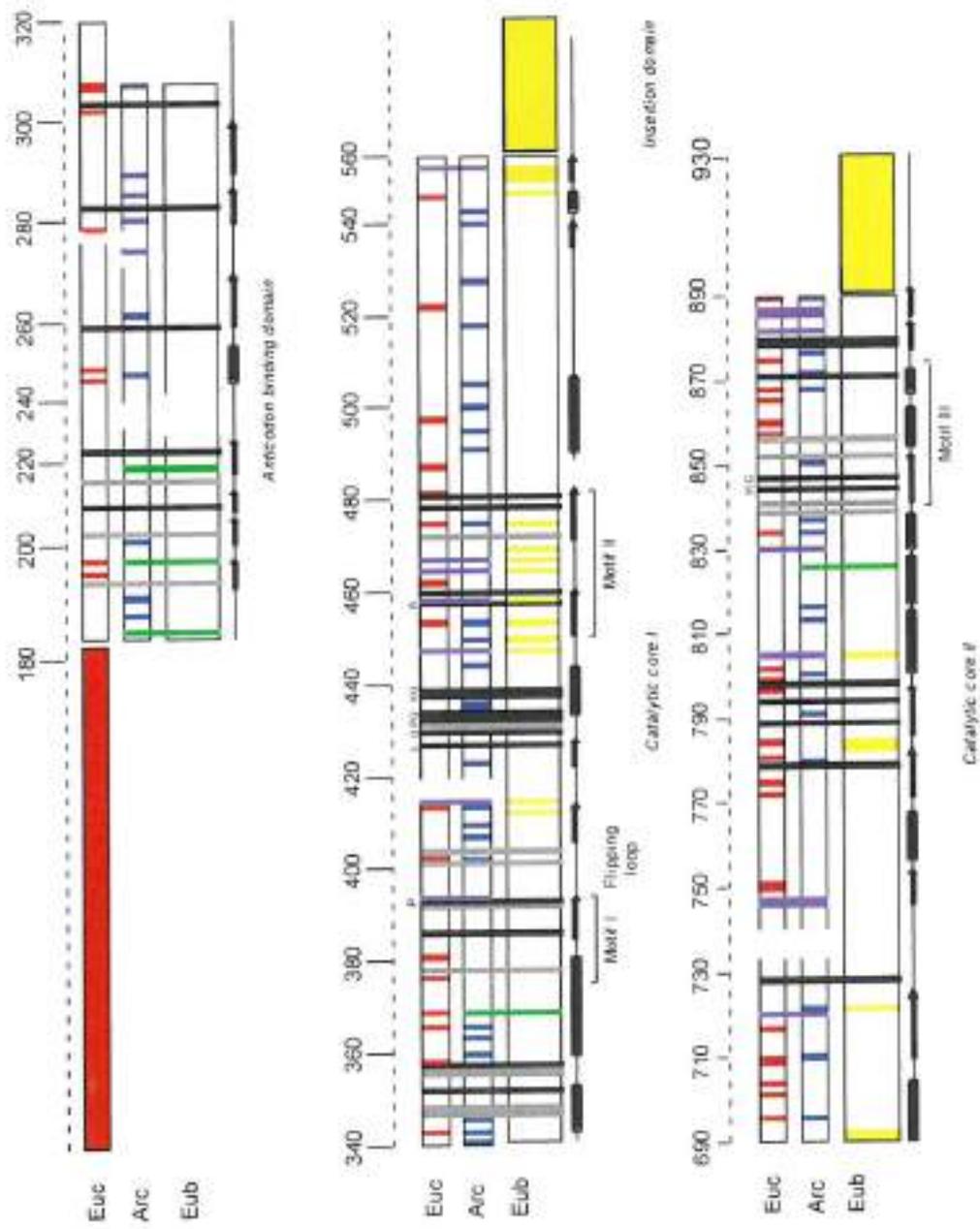


Figure 2



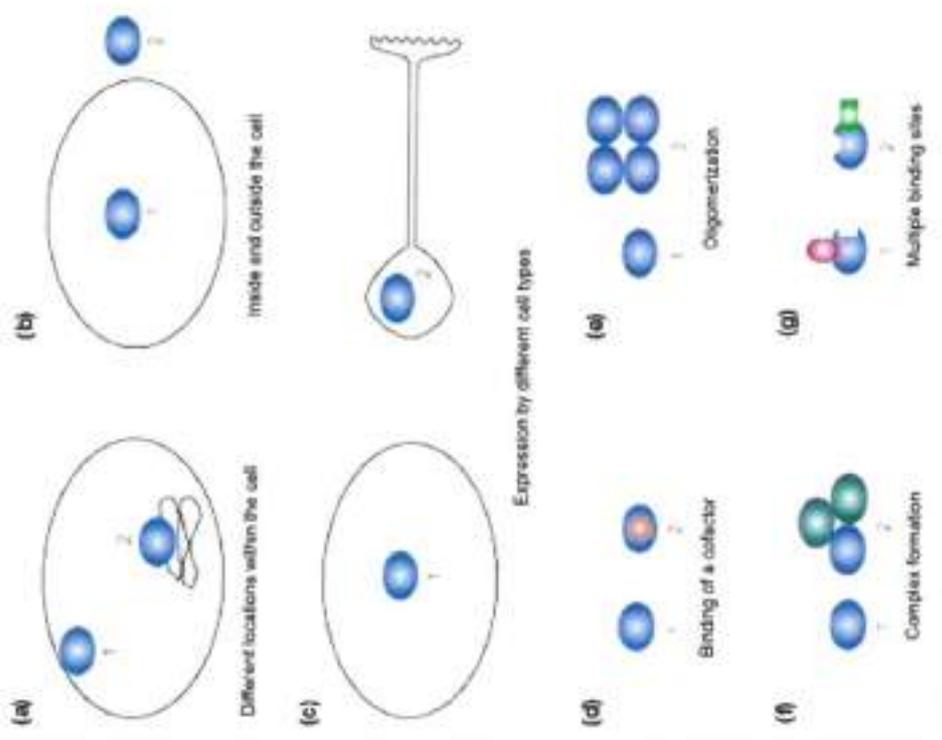
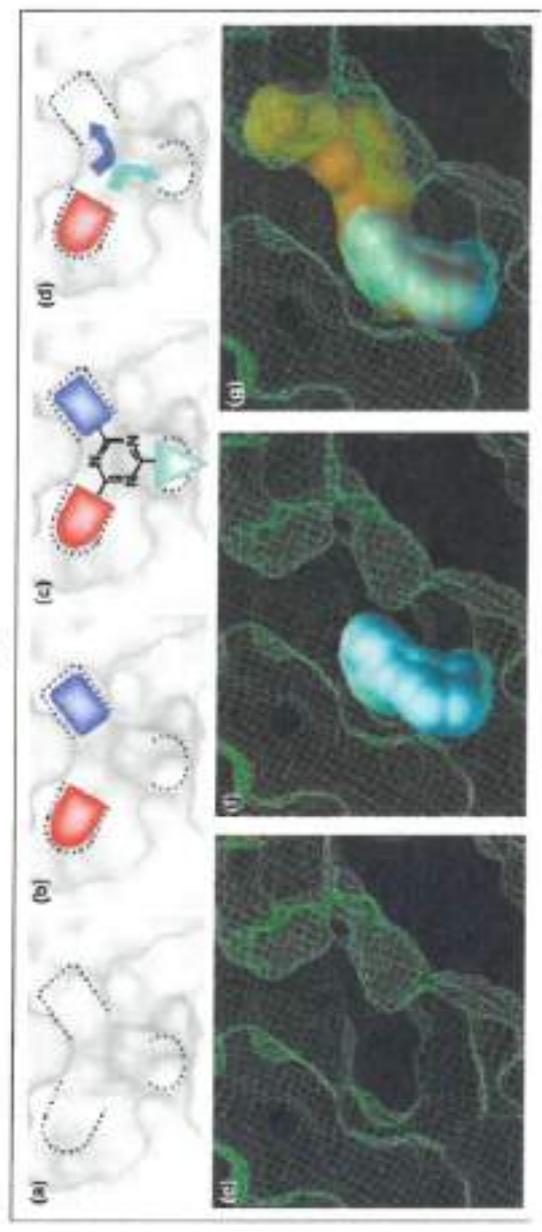


Figure 3

Figure 4



Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences du Vivant
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Epreuve « Exercices d'applications »

Durée 40 minutes

SUJET B

Il sera tenu compte dans la notation du soin et de la clarté apportés aux dessins.

Question 1 : 14 points

Prévoir suffisamment d'espace sur la copie pour représenter cet appariement triple !

Pour chaque appariement de cette partie, vous dessinerez avec soin les **désoxyribonucléosides** en tenant compte des conformations préférées des différents constituants et vous indiquerez sur le dessin le nom de ces conformations.

- (6 points)** Dessinez un appariement entre une guanine (appelée G1) et une adénine (appelée A2) impliquant les sites Watson-Crick de la guanine et les sites Hoogsteen de l'adénine.
- (6 points)** Une interaction supplémentaire est observée entre G1 et une autre guanine (appelée G3) impliquant les sites Hoogsteen de G1. Cet appariement est un appariement *cis*. Sur le dessin précédent, dessinez ce nouvel appariement.
- (2 points)** Précisez si les brins sont parallèles ou antiparallèles dans le cas des appariements G1-A2 et G1-G3. Justifiez vos réponses.

Question 2 : 6 points

- Donnez les caractéristiques structurales des hélices de forme A et B (paramètres hélicoïdaux, plissements des sucres, orientation de la base par rapport au sucre, orientation du groupement exocyclique O5' par rapport au sucre).
- Décrivez les formes et tailles des sillons présents dans les deux formes d'hélice. Précisez quels sont les atomes qui se trouvent dans chaque type de sillon.

Structures des protéines, des acides nucléiques et de leurs complexes

L3 – S5 Licence mention Sciences du Vivant
parcours Biochimie Moléculaire et Cellulaire
parcours Chimie et Biologie
étudiants Franco-Allemands et Erasmus

Epreuve « Evaluation des connaissances de cours »

Durée 20 minutes

Question 1 : 10 points

On peut observer dans l'ARN de transfert un certain nombre de bases puriques ou pyrimidiques modifiées.

Dessinez les **nucléosides** modifiés suivants :

- a) N7-méthyl-adénosine
- b) N2,N2-diméthyl-guanosine
- c) 2'-O-méthyl-adénosine
- d) inosine
- e) pseudouracile

Question 2 : 8 points

On considère l'ARN de transfert de l'acide aspartique pour lequel la séquence de l'anticodon est GUC.

a) Deux codons correspondent à cet acide aminé dans le code génétique. Structuralement, quelles sont les séquences possibles de ces deux codons ? Justifiez votre réponse.

b) Représentez sur un schéma les interactions entre la région de l'anticodon de l'ARNt-Asp et les codons correspondants de l'ARN messager qui se produiront lors du décodage par le ribosome en précisant les directions des chaînes polynucléotidiques de l'ARNt et de l'ARNm.

Question 3 : 2 points

Quelles sont les caractéristiques structurales de la liaison hydrogène (types d'atomes impliqués, distances, orientation) ?