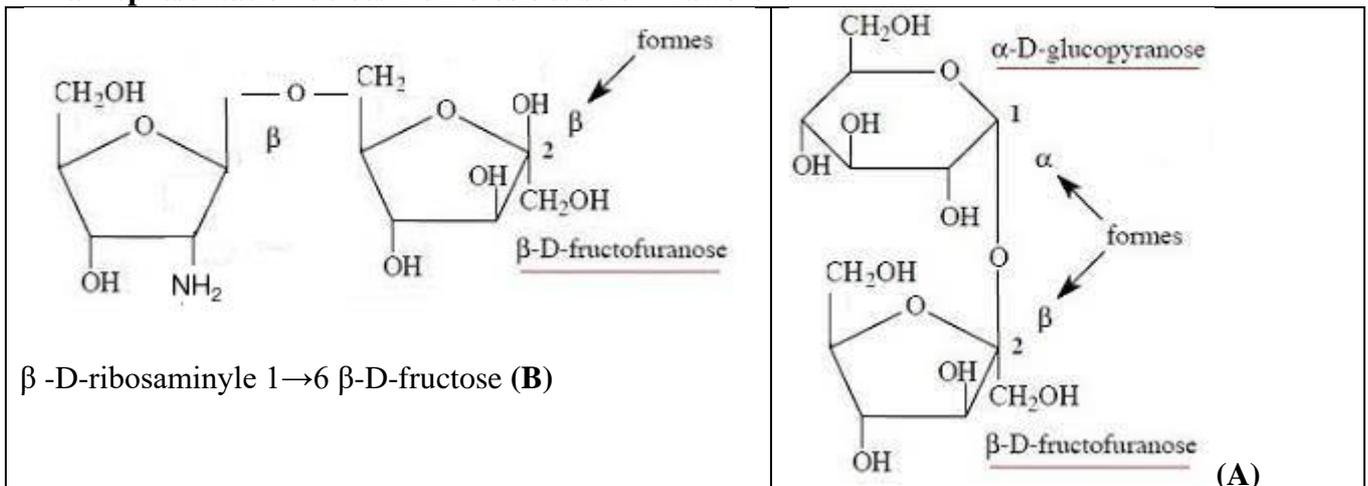


## Corrigé type de biochimie

### 1- la représentation de ces 2 diholosides selon Haworth.



### 2- produits d'hydrolyse :

Le 1<sup>er</sup> diholoside n'est pas hydrolysé.

Le 2<sup>ème</sup> diholoside donne de  $\alpha$ -D-glucose et  $\beta$ -D-fructose.

L'invertase est spécifique de  $\beta$ -D-fructose : C'est une  $\beta$ -2-fructofuranosidase.

3- Le composé (A) est **non réducteur** parce que le type de liaison est **osyl-oside** ou bien parce que **le carbone anomérique est engagé dans la liaison osidique**.

4- un **seul osazone** puisque le glucose et le fructose donne le **même osazone**.

5- les produits de perméthylation suivie d'hydrolyse de (A)

- 2,3,4,6-tétraméthylglucopyranose
- 1,3,4,6-tétraméthylfructopyranose.

### Exo 02

1) Les formules chimiques semi-développées des 03 acides gras.

AG1 : C<sub>16</sub>:0 sa formule : CH<sub>3</sub>-(CH<sub>2</sub>)<sub>14</sub>-COOH

AG2: C<sub>16</sub>:1 $\Delta$ <sub>9</sub> sa formule : CH<sub>3</sub>-(CH<sub>2</sub>)<sub>5</sub>-CH=CH-(CH<sub>2</sub>)<sub>7</sub>-COOH

AG3: C<sub>18</sub>:2 $\Delta$ <sub>9,12</sub> sa formule : CH<sub>3</sub>-(CH<sub>2</sub>)<sub>4</sub>-CH=CH-CH<sub>2</sub>-CH=CH-(CH<sub>2</sub>)<sub>7</sub>-COOH

2) L'acide gras qui a le point de fusion le plus élevé est l'AG1 qui est un acide gras saturé comparativement aux deux autres AGs (AG2 et AG3) qui sont insaturés. Le point de fusion augmente avec l'augmentation du nombre de carbone de la chaîne mais diminue avec l'augmentation du nombre de doubles liaisons.

3) l'acide gras qui présente l'indice d'iode I<sub>i</sub>=0 est AG1 **puisque** il est saturé (0 $\Delta$ ).

4) Les acides gras qui peuvent réagir avec KMnO<sub>4</sub> sont AG2 et AG3 (insaturés).

5) La saponification : c'est la réaction entre l'AG et les bases pour donner des sels des acides gras ou des savons

- la réaction de l'AG 1 avec KOH :



L'indice de saponification de AG1 :

PM (KOH) mg.....PM (AG1)

Is .....1g (1000 mg)AG

PM AG1( C<sub>16</sub>H<sub>32</sub>O<sub>2</sub>)

$$\text{PM AG1} : 16 \cdot 12 + 32 + 16 \cdot 2 = 256$$

Donc : Is = 1000\*56/256 = 218.75

### Exo 03

**- Calcul des pHi (pH isoélectrique)**

- PHi Ala =  $pka + pkb/2 = 6,02$ .
- PHi Asp =  $pka + pkr/2 = 2,97$ .
- PHi Lys =  $pkb + pkr/2 = 9,74$ .

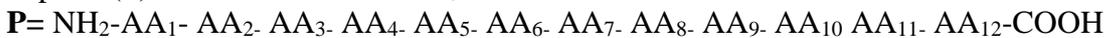
- Indiquer la charge nette globale de ces acides aminés à pH 1, à pH = 6 et à pH = 10. ?

La charge nette globale des acides aminés est obtenue en appliquant une titration, réalisée par un gradient de pH croissant (ascendant) de pH=1 à pH>10.

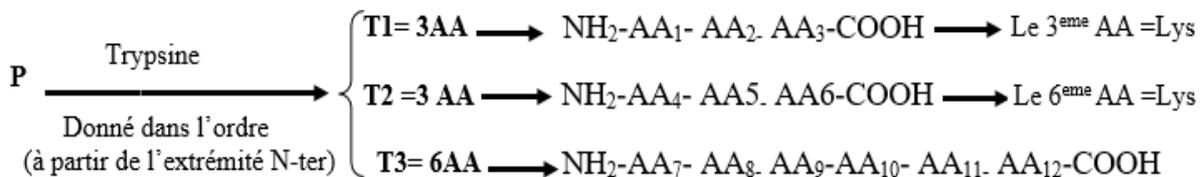
	Ph 1	Ph 6	pH 10
Ala	+1	0	-1
Asp	+1	-1	-2
Lys	+2	+1	0

### Exo 04

Peptide (P) est constitué de **12 AA**,



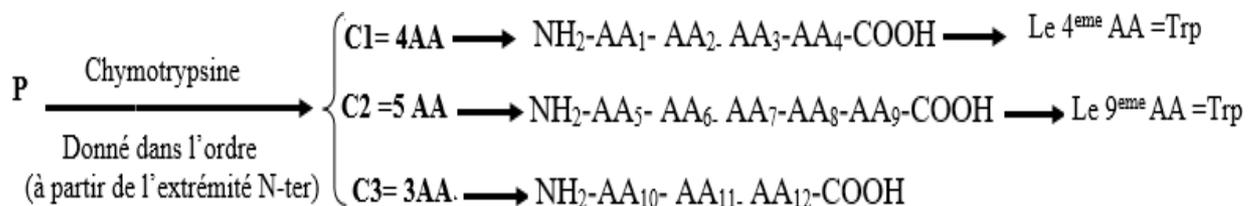
- 1- **Lys** et **Asp** sont les seuls AA chargés.
- 2- **Hydrolyse acide**: Aucun AA aromatiques Il y a la possibilité de destruction du Trp,
- 3- Action de la **trypsine** : Coupe au niveau de C<sup>ter</sup> (après) de l'Arg ou Lys, (d'après les données, ce peptide contient que la **Lys**)



**Remarque** : il faut placer chaque AA trouvé dans la chaîne



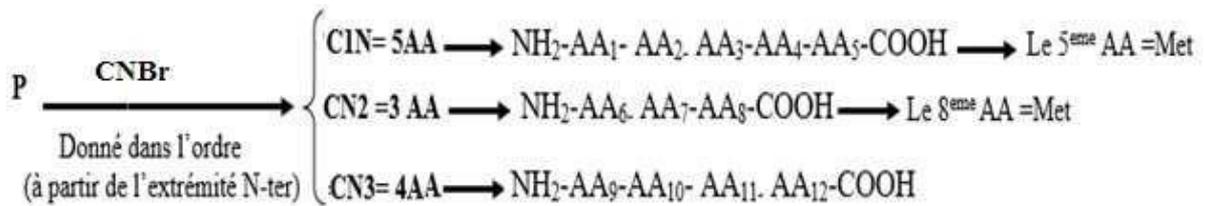
- 4- **Chymotrypsine** agit après Phe, Tyr et Trp, sauf ici, d'après les données, il n'y a pas d'AA aromatiques, donc la Trp est détruite par l'action de HCL.



On place les AAs trouvés dans la chaîne



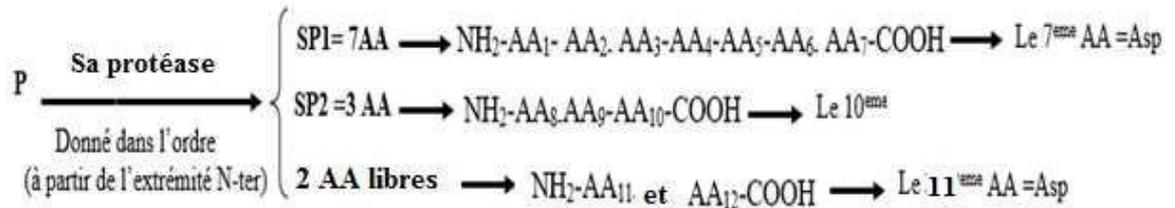
5- **CNBr** : coupe après la Met



On place les AA trouvés dans la chaîne



6- **Sa protéase** : coupe après Asp.



On place les AA trouvés dans la chaîne



7- **Reactif d'Edman** : donne AA puis PTA-Ala du côté Nt donc NH<sub>2</sub>-AA<sub>1</sub>-Ala-COOH, (Ala est le 2<sup>ème</sup> AA)

**P** = NH<sub>2</sub>-AA<sub>1</sub>- **Ala**-Lys-Trp-Met-Lys-Asp-Met-Trp-Asp-AA<sub>11</sub>-AA<sub>12</sub>-COOH 8- **Chlorure de Dansyl**, donne dansyl-Gly, donc la **Gly** est le 1<sup>er</sup> AA

On place les AA trouvés dans la chaîne



9- **Carboxypeptidase** : donne un acide aminé **non chiral** (Gly), donc le dernier AA est la Gly

On place les AA trouvés dans la chaîne

**P** = NH<sub>2</sub>-Gly-Ala-Lys-Trp-Met-Lys-Asp-Met-Trp-Asp-AA<sub>11</sub>-**Gly**-COOH 10- D'après les **données : T3 et CT3** ont la même extrémité N-ter.

T3 = NH<sub>2</sub>-Asp-.....

CT3 = NH<sub>2</sub>-Asp-..... Le 11<sup>ème</sup> AA = Asp

On peut déduire la séquence finale suivante :



