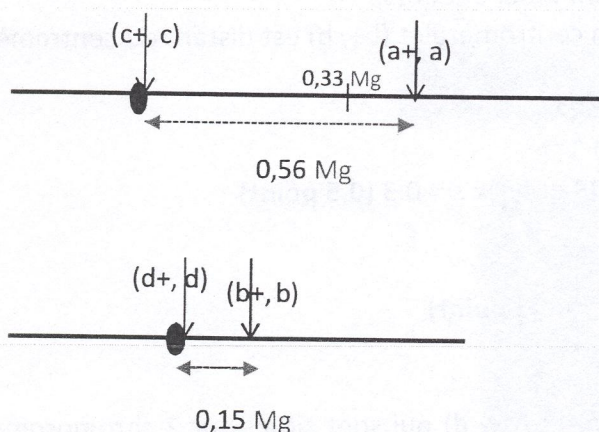


**Concours National d'Entrée aux Ecoles d'Ingénieurs
Biologie/Géologie 2014-2015**

Epreuve de Génétique

Exercice 1 : (12 points)

1. Carte génétique (1,5 points)



2. (2.5 points)

Le gène (a+, a) est distant du centromère de 56% donc (a+, a) est génétiquement indépendant du centromère **(0.5 point)**, d'où $p = \text{fréq PostRed (a+, a)} = 2/3$. **(0.5 point)**

A (a) x S (a+) donne sur 1000 spores : $\frac{1}{2} \times 1000 = 500$ spores (a) et $\frac{1}{2} \times 1000 = 500$ spores (a+). **(0.5 point)**

Sur 500 asques, tous les asques seront équiprobables: $500/6 = 83.33$ (car $p = 2/3$).

a+	a	a+	a	a+	a	
a+	a	a	a+	a	a+	
a	a+	a+	a	a	a+	(1 point)
a	a+	a	a+	a+	a	
asques		asques post-réduits				
pré-réduits						

3. (2 points)

D x B diffèrent par les 2 couples (d+, d) et (b+, b) qui sont liés sur le même chromosome avec une distance de 15%.

Distance g-g = $AR/AP + AR$ d'où $AR = 1000 \times 0.15 = 150$ et $AP = 1000 - 150 = 850$. **(0.5 point)**

D (d b+) x B (d+ b) **(0.5 point)** donne :

850 AP {(d b+) : 425 spores et (d+ b) : 425 spores} **(0.5 point)**

150 AR {(d+ b+) : 75 spores et (d b) : 75 spores} **(0.5 point)**

4. (6 points)

C x D diffèrent par les couples (c+, c) et (d+, d) qui sont situés sur 2 chromosomes différents donc ils sont génétiquement indépendants.

D'après la carte (c+, c) et (d+, d) sont collés à leurs centromères, d'où :

Donc au final et après comparaison de séquences on aura :

ARNm de ad1 : 5' ... GGX CCA CAA GCG CUG GUU UGA 3'

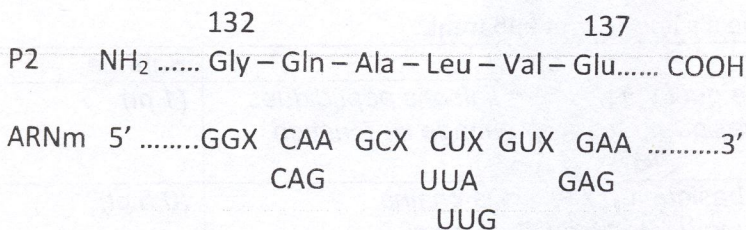
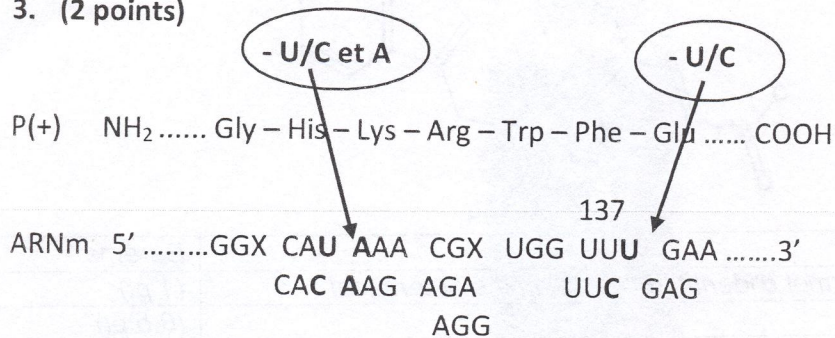
ARNm de P (+) : 5'... GGX CAC AAG CGC UGG UUU GAA ...3'

2. Nature de la mutation (1 point)

Il s'agit d'une addition (ou insertion) de C (donc de G au niveau du brin transcrit de l'ADN) entre le codon n°132 et 133 (voir plus haut).

C'est une mutation de type frame shift qui provoque un décalage du cadre de lecture et crée un codon stop au niveau du codon n°138, ce qui engendre une protéine plus courte.

3. (2 points)



Donc au final et après comparaison de séquences on aura :

ARN m de ad 2 : 5' ...GGX CAA GCG UUG GUU GAA ...3'

GAG

4. Nature de la mutation (1 point)

Il s'agit de 2 soustractions :

Soustraction (ou délétion) de U/C et A (donc de A/G et T au niveau du brin transcrit de l'ADN) au niveau du codon n°133 et 134 et

Soustraction de U/C (donc de A/G au niveau du brin transcrit de l'ADN) au niveau du codon n°137 (voir plus haut).

Ce sont deux mutations de type frame shift qui provoquent un décalage puis un rétablissement du cadre de lecture ce qui engendre une protéine qui présente une région différente de 4 aa par rapport au sauvage, située entre les deux mutations et perte de 3 nucléotides au total, ce qui explique que la protéine est plus courte d'un aa par rapport au sauvage.

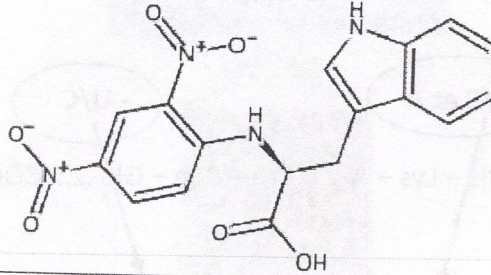
Epreuve de Biochimie

Problème 1 (10 points).

Un oligopeptide P est formé de 7 acides aminés. L'analyse de P en acides aminés donne : Asp ; Val ; Met ; Phe ; Trp et un acide aminé X. Un de ces acides aminés est en double.

Les faits suivants ont été observés:

- a. La réaction à l'aide du réactif de Sanger donne le produit suivant:



Correction	Barème
La réaction de Sanger permet d'identifier l'acide aminé N-terminal	(1 pt)
c'est le Trp du côté Nter	(0.5 pt)

- b. Le traitement avec la trypsine n'a aucun effet apparent.

Correction	Barème
La trypsine est une endoprotéase qui hydrolyse les liaisons peptidiques dans lesquelles un acide aminé basique (Lys, Arg) engage sa fonction acide	(1 pt)
Hypothèse 1 : pas d'acide aminé basique au sein de la chaîne. Hypothèse 2 : acide aminé basique au niveau du C terminal	(0.5 pt)

- c. L'acide aminé X réagit positivement au réactif de Sakaguchi.

Correction	Barème
La réaction de Sakaguchi permet de détecter la présence d'arginine	(1 pt)
X=Arg qui est du côté Cter en fin de chaîne	(0.5 pt)

- d. Le bromure de cyanogène donne un dipeptide, un tétrapeptide et l'acide aminé X.

Correction	Barème
Le bromure de cyanogène (BrCN) : clive la méthionine côté C-terminal.	(1 pt)
Il y a 3 peptides donc il y a 2 Met dans la chaîne	(0,5 pt)
Hypothèse 1. Nt Trp-Met , _ _ _ -Met, Arg Cter	(0,5 pt)
Hypothèse 2. Nt Trp _ _ -Met, _ -Met , Arg Cter	

- e. Un traitement de P avec la chymotrypsine donne un acide aminé libre, un dipeptide et un tétrapeptide. La composition en acides aminés du tétrapeptide est Val, X et Met.

Correction	Barème
L' α-chymotrypsine est une endoprotéase qui hydrolyse les liaisons peptidiques dans lesquelles un acide aminé aromatique (Tyr, Trp, Phe) engage sa fonction acide.	(1 pt)
Il y a 3 peptides donc il y a 2 AA aromatiques présents dans la chaîne.	(0,5 pt)
Nt Trp, <u>Phe</u> , (Val, Arg, 2 Met) et par déduction, Asp est dans le <u>dipeptide, Asp-Phe</u>	(0,5 pt)
Donc c'est l'hypothèse 2 de la question d) : N terTrp , Asp-Phe, <u>le tetrapeptide Met-Val-Met-Arg</u> Cter	(0,5 pt)

Donner la structure de P, en justifiant votre réponse, notamment en expliquant le raisonnement ainsi que le but et le ou les résultats de chaque expérience.

Correction	Barème
La structure de P est :	1 pt
Nter Trp-Asp-Phe-Met-Val-Met-Arg Cter	

Problème 2 (10 points).

- Un diholoside donne après perméthylation suivie d'hydrolyse acide les composés suivants :

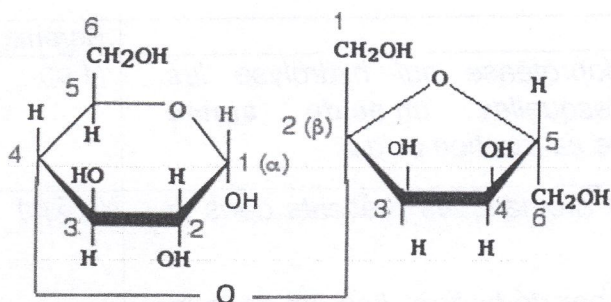
2,3,6 tri-O-methyl- α -D-glucose

1,3,4,6 tetra-O-methyl- β -D-psicose

L'aldose est sous sa forme pyranose alors que la cétose est sous sa forme furanose. Le psicose est l'épimère en C3 du fructose

- En déduire le nom et la structure selon Haworth de ce diholoside.

Corrigé	Barème
<u>Rappel</u> : La perméthylation est une procédure fiable d'identification des hydroxyles impliqués dans les liaisons glycosidiques. Etant pris dans les liaisons, ceux-ci sont en effet protégés de la réaction, et l'hydrolyse acide réalisée dans un second temps libère un mélange d'oses partiellement méthylés. Il subsiste parfois une ambiguïté au niveau des carbones anomériques.	1 point
2,3,6 tri-O-methyl- α -D-glucose	
les OH des C2, C3 et C6 sont libres	
le C4 est engagé dans la liaison osidique	
1,3,4,6 tetra-O-methyl- β -D-psicose	
les OH des C1, C3, C4 et C6 sont libres	
le C2 est engagé dans la liaison osidique	



Corrigé	Barème
Structure du- β -D-psicofuranosyl (2-4) α -D-glucopyranose	1 pt
Nom du- β -D-psicofuranosyl (2-4) α -D-glucopyranose	1 pt

b. Est-t-il réducteur ou non? Justifiez votre réponse.

Corrigé	Barème
Oui	0,5 pt
le C anomérique du glucose est libre	0,5 pt

c. Donner de façon précise le nom de l'enzyme qui peut couper ce diholoside.

Corrigé	Barème
Théoriquement l'enzyme qui coupe cette liaison 2-4 est du même nom que l'ose qui participe par son carbone anomérique : c'est le psicose donc c'est une beta psicosidase.	1 pt

2. La vitesse d'hydrolyse de ce diholoside par une enzyme E est déterminée dans les conditions initiales. Il apparaît $0,672 \times 10^{-2}$ moles de glucose en 10 minutes. Le milieu réactionnel contient notamment 1 mL de solution enzymatique dont la teneur en protéines est de 2,85 g.L⁻¹.

a. Calculer l'activité spécifique de l'enzyme en UI.mg⁻¹

Corrigé	Barème proposé
$0,672 \times 10^{-2}$ moles de glucose en 10 minutes soit $0,672 \times 10^{-3}$ moles/min dans 1 mL de solution enzymatique	0,5 pt
Or 1 mL de solution enzymatique contient 2,85 mg, donc $0,672 \times 10^{-3} / 2,85 = 2,35 \times 10^{-4}$ moles/min/mg	0,5 pt
Or 1 UI= 1 micromol/min, et 1 mole = 10^6 micromol donc $AS = 2,35 \times 10^2$ micromoles/min/mg = UI/mg	Valeur 1 pt Unité 0,5 pt

6

- b. Calculer l'activité molaire spécifique en considérant que l'enzyme est pure (PM = 135000 Da).

Correction : 1^{ère} approche	Barème
1 mole correspond à 135 000g donc 1 g correspond $7,40 \times 10^{-6}$ moles	0,5 pt
soit 1 mg correspond $7,40 \times 10^{-6} \times 10^{-3}$ moles = $7,40 \times 10^{-9}$ moles	0,5 pt
Or $2,35 \times 10^2$ micromoles/min pour 1 mg soit pour $7,40 \times 10^{-9}$ moles,	Valeur 1 pt
donc pour 1 mole, $2,35 \times 10^2 / 7,40 \times 10^{-9}$ moles soit pour 1 min $3,17 \times 10^{10}$ UI/mole d'enzyme soit	Unité 0,5 pt
ASM= $3,17 \times 10^4 \text{ min}^{-1}$	

OU

Correction : 2^{ème} approche	Barème
ASM= AS x PM x 1000	1 pt
ASM= $2,35 \times 10^2 \times 135000 \times 1000$	Valeur 1 pt
Soit $3,17 \times 10^{10}$ UI/mole d'enzyme soit	Unité 0,5 pt
ASM= $3,17 \times 10^4 \text{ min}^{-1}$	

7