



Concours Biologie & Géologie
Epreuve de Biochimie, Biologie cellulaire et Génétique

Date : Mardi 05 Juin 2018 Heure : 8 H Durée : 2 H Nbr pages : 4

Barème :

(L'emploi de la calculatrice est autorisé)

EPREUVE DE BIOCHIMIE

EXERCICE N°1 (9 points)

Un peptide P issu de l'hydrolyse de protéines de thon est constitué de la séquence suivante :

Val-Tyr-Lys-Phe-Ala-Glu-Glu

Après hydrolyse par la chymotrypsine, une séparation des peptides est effectuée sur une colonne de chromatographie échangeuse d'anions, en utilisant un tampon de pH 5.9.

1. Donner la formule développée du peptide P
2. a. Rappeler le rôle de la chymotrypsine
b. Indiquer la séquence des peptides obtenus après hydrolyse par la chymotrypsine
3. Ecrire les réactions d'ionisation des peptides obtenus sous l'action de la chymotrypsine sur le peptide P
4. Dans quel ordre prédisiez-vous l'élution des peptides obtenus à pH=5.9? Justifiez votre réponse.

(On donne les constantes de dissociations des groupements ionisables des acides α aminés du peptide P)

	Lys	Phe	Val	Tyr	Ala	Glu
pK _{COOH}	2.18	1.83	2.32	2.2	2.34	2.19
pK _{NH2}	10.79	9.13	9.62	9.11	9.69	9.67
pK _{radical}	8.95	-	-	10.07	-	4.25

EXERCICE N°2 (11 points)

Les ribose-5-phosphate isomerases Rpi (EC 5.3.1.6) sont des enzymes catalysant l'isomérisation réversible du ribose 5-phosphate et le ribulose 5-phosphate. Elles sont impliquées dans différentes voies métaboliques telles que la voie des pentoses phosphates ou encore le cycle de Calvin. Les plus communs des ribose-5-phosphate isomerases sont les RpiA, présents dans presque tous les organismes. Les RpiB se

trouvent plutôt dans de nombreuses espèces bactériennes. L'acide 4-phospho-D-érythronohydroxamique (4PEH) apparaît comme inhibiteur des enzymes RpiB.

On étudie la réaction d'isomérisation réversible du ribose 5-phosphate et le ribulose 5-phosphate, en mesurant l'absorbance à $\lambda = 290 \text{ nm}$, en absence et en présence de l'inhibiteur 4PEH.

- I. En absence d'inhibiteur, les résultats **expérimentaux** ont permis de déduire l'équation Hanes-Woolf suivante :

$$y = 41.8x + 87.9$$

(L'équation Hanes-Woolf met le rapport $[S] / v$ en fonction de $[S]$, où $[S]$ est la concentration du substrat (mM) et v est la vitesse initiale de réaction exprimée en $\text{mmole} \cdot \text{minute}^{-1}$).

1. Définir la constante de Michaelis K_m et la vitesse maximale $V_{\max}$ d'une enzyme.
2. A partir de l'équation de Michaelis Menten, démontrer l'équation Hanes-Woolf.
3. Déterminer les valeurs du K_m et de $V_{\max}$ de l'enzyme RpiB.

- II. On étudie l'effet inhibiteur de 4PEH sur l'enzyme RpiB. Les résultats **expérimentaux** sont montrés dans le tableau suivant :

[4PEH] (mM)	Equation Hanes-Woolf
0	$y = 41.8x + 87.9$
0.01	$y = 42.0x + 118.4$
0.05	$y = 43.9x + 177.7$

$[S]$ est la concentration du substrat (mM) et v est la vitesse initiale de réaction exprimée en $\text{mmole} \cdot \text{minute}^{-1}$.

1. Déterminer les paramètres cinétiques de la ribose-5-phosphate isomerase RpiB en présence de 4PEH.
2. Déterminer le type d'inhibition de 4PEH sur l'enzyme RpiB. Justifier votre réponse.

EXERCICE 1 (12 points)

Chez une espèce végétale diploïde, le croisement d'une variété à fleurs roses et pétales arrondies par une variété à fleurs blanches et pétales allongées a donné une F1 formée par des plantes à fleurs pourpres et pétales arrondies. Le croisement des plantes de la F1 a donné une F2 composée comme suit :

- 189 plantes [fleurs roses, pétales arrondies]
- 373 plantes [fleurs pourpres, pétales arrondies]
- 190 plantes [fleurs blanches, pétales arrondies]
- 65 plantes [fleurs roses, pétales allongées]
- 120 plantes [fleurs pourpres, pétales allongées]
- 63 plantes [fleurs blanches, pétales allongées]

- 1- Interpréter les résultats obtenus en précisant la relation entre les gènes impliqués dans le déterminisme génétique des caractères étudiés.

- 2- Prévoir le résultat (phénotypes, génotypes et leurs proportions) du croisement de plantes à fleurs pourpres et pétales arrondies avec des plantes à fleurs blanches et pétales allongées, prises à partir de la F2.

EXERCICE 2 (8 points)

La séquence d'ADN suivante représente le début du brin transcrit du gène de la bêta-lactamase isolé chez la souche sauvage d'*E. coli* :

5'- GCAGGAACGTTTCGCTCAGTTTTAGTTCCATGC- 3'

- 1- Donnez la séquence du brin d'ADN complémentaire ainsi que la séquence de l'ARNm.
- 2- Donnez la séquence du polypeptide traduit à partir de cet ARNm.

A partir de la souche sauvage, on a sélectionné deux souches mutantes m1 et m2 dont les séquences protéiques du début du gène de la bêta-lactamase sont représentées ci-dessous.

m1 : NH2–Met–Glu–Leu–Lys–Leu–COOH

m2 : NH2–Met–Glu–Leu–Lys–Arg–Ala–Asn–Val–Pro–Ala–.....COOH

- 3- Donnez la séquence de l'ARNm des mutants m1 et m2 en précisant le type de mutations engendrées.

Table de distribution de χ^2 (loi de K. Pearson)

La table donne la probabilité α , en fonction du nombre de degrés de liberté ν , pour que χ^2 égale ou dépasse une valeur donnée χ^2_α .

$$\alpha = P(\chi^2 \geq \chi^2_\alpha)$$

$\nu \backslash \alpha$	0.990	0.975	0.950	0.900	0.100	0.050	0.025	0.010	0.001
1	0.0002	0.0010	0.0039	0.0158	2.7055	3.8415	5.0239	6.6349	10.8276
2	0.0201	0.0506	0.1026	0.2107	4.6052	5.9915	7.3778	9.2103	13.8155
3	0.1148	0.2158	0.3518	0.5844	6.2514	7.8147	9.3484	11.3449	16.2662
4	0.2971	0.1844	0.7107	1.0636	7.7794	9.4877	11.1433	13.2767	18.4668
5	0.5543	0.8312	1.1455	1.6103	9.2364	11.0705	12.8325	15.0863	20.5150
6	0.8721	1.2373	1.6354	2.2041	10.6446	12.5916	14.4494	16.8119	22.4577
7	1.2390	1.6899	2.1673	2.8331	12.0170	14.0671	16.0128	18.4753	24.3219
8	1.6465	2.1797	2.7326	3.4895	13.3616	15.5073	17.5345	20.0902	26.1245
9	2.0879	2.7004	3.3251	4.1682	14.6837	16.9190	19.0228	21.6660	27.8772
10	2.5582	3.2470	3.9403	4.8652	15.9872	18.3070	20.4832	23.2093	29.5883

Table du Code Génétique

PREMIER NUCLEOTIDE	DEUXIEME NUCLEOTIDE				TROISIEME NUCLEOTIDE
	U	C	A	G	
U	UUU PHE	UCU	UAU TYR	UGU CYS	U
	UUC	UCC SER	UAC	UGC	C
	UUA LEU	UCA	UAA NS	UGA NS	A
	UUG	UCG	UAG NS	UGG TRP	G
C	CUU	CCU	CAU HIS	CGU	U
	CUC LEU	CCC PRO	CAC	CGC ARG	C
	CUA	CCA	CAA GLN	CGA	A
	CUG	CCG	CAG	CGG	G
A	AUU	ACU	AAU ASN	AGU SER	U
	AUC ILE	ACC THR	AAC	AGC	C
	AUA	ACA	AAA LYS	AGA ARG	A
	AUG MET	ACG	AAG	AGG	G
G	GUU	GCU	GAU ASP	GGU	U
	GUC VAL	GCC ALA	GAC	GGC GLY	C
	GUA	GCA	GAA GLU	GGA	A
	GUG	GCG	GAG	GGG	G