



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

Date Vendredi 14 Juin 2019 Heure : 8 H Durée : 2 H Nbr pages : 3

Barème :

(L'utilisation de la calculatrice est autorisée)

Epreuve de Biochimie

Exercice 1 (8 points)

La séquence en acides aminés d'un peptide P doit être déterminée. A cette fin, différents traitements du peptide sont réalisés suivant les étapes suivantes :

1. Le peptide P est traité à pH alcalin par l'isothiocyanate de phényle (PITC). Ce traitement a abouti à la formation du PTH-Val.
 - a. Que permet de mettre en évidence cette réaction? Quel est le nom de cette méthode ?
 - b. Interpréter l'expérience.
2. Le traitement de P par la trypsine a donné les trois fragments peptidiques suivants:
Gly-Leu
Val-Met-Asp-Lys
Val-Gly-Thr-Met-Arg
 - a. Quel est le rôle de la trypsine ?
 - b. Interpréter l'expérience en précisant les hypothèses possibles quand à la résolution de la séquence du peptide P.
3. Le traitement de P par le bromure de cyanogène donne trois fragments avec les séquences suivantes :
Arg-Val-Met
Val-Gly-Thr-Met
Asp-Lys-Gly-Val
 - a. Quelle est l'action du bromure de cyanogène?
 - b. Interpréter l'expérience en précisant la ou les hypothèse(s) possible(s) et leur acceptation ou rejet, quand à la résolution de la séquence.
 - c. Déduire la séquence complète du peptide P et donner sa structure chimique.

Exercice 2 (12 points)

Soit le lipide « L » suivant :

α palmitoléyl β linoleoyl glycérophosphorylsérine

- 1. Donner la structure chimique développée du lipide “L” ?
- 2. Quelle est l’action des phospholipases A1 et A2 sur ce composé ? Indiquer les noms des produits libérés.
- 3. Les acides gras libérés, après action de ces phospholipases, ont subi une oxydation permanganique en milieu alcalin.
 - a. Rappeler le principe de l’oxydation d’un lipide par des ions permanganates
 - b. Indiquer les structures chimiques des produits libérés.
- 4. Par ailleurs, les acides gras libérés après action de ces phospholipases, ont subi un traitement par le réactif de Wijs.
 - a. Que permet de mettre en évidence cette réaction ?
 - b. Calculer l’indice d’iode des acides gras libérés.(On donne les PM en g.mol⁻¹ de I = 127, H=1, O = 16 et C =12).

Epreuve de Génétique

Exercice 1 (11 points)

Chez un ascomycète à tétrades ordonnées, on dispose de deux souches mutantes S₁, S₂ et de la souche sauvage S. La souche S₁ est auxotrophe pour l’adénine [ade⁻] et la mutation (a) conduisant à ce phénotype est très proche du centromère du chromosome 1. La souche S₂ est auxotrophe pour la cytosine et la biotine [cyt⁻ bio⁻]. La mutation (c) responsable de l’auxotrophie pour la cytosine est à 22cM du centromère du chromosome 1 alors que la mutation (b) responsable de l’auxotrophie pour la biotine est très proche du centromère du chromosome 3.

- 1. Etablir la carte génétique.
- 2. Ecrire les génotypes de S₁, S₂, et S.
- 3. Prévoir, sous forme de spores et sous forme de tétrades, les résultats des croisements S x S₁ et S x S₂ en précisant les différentes associations et leurs pourcentages ainsi que les différents types de tétrades et leurs pourcentages.
- 4. Prévoir, sous forme de spores, les résultats du croisement S₁ x S₂ en précisant les différentes associations et leurs pourcentages.

Exercice 2 (9 points)

La séquence de la souche sauvage du gène de la lactamase a été déterminée chez la bactérie *E. coli*. Dans le tableau ci-dessous, une partie de cette séquence codant de l’acide aminé numéro 40 à l’acide aminé numéro 47 a été reportée.

		sens										sens
ADN	Brin	...	...	. A .	G . .	A . .	...	...	.. T	. A .	...	
double brin	Brin	...	...	G . .	. T .	. A .	...	A . .	...	A . .	...	
ARNm		...	C . C	...	.. C	.. A	...	. G .	U . .	...	...	
ARNt		...	...	.. C	...	...	A . U	.. A	...	.. U	...	
Chaines en acides amines		...	Arg				Asn		Cys		...	

- 1. Recopier le tableau sur votre copie et compléter-le en vous aidant du code génétique. Préciser le sens de la transcription et l’orientation de chaque molécule en justifiant vos réponses.

Par ailleurs, trois souches mutantes pour ce gène, notées m1, m2 et m3 ont été sélectionnées à partir de la souche sauvage. Les séquences des protéines non fonctionnelles codées par ce gène ont été définies chez ces trois mutants.

- m1 40 42
NH2.....Lys–Leu–Leu COOH
- m2 40 47
NH2Ile–Val–Val–Ile–Tyr–Arg–Thr–Ala....COOH
- m3 40 43
NH2Asn–Gln–Asp–Arg....COOH

- 2. Par comparaison avec la souche sauvage et en vous aidant du code génétique, déterminer la nature moléculaire de la mutation qui a induit respectivement chacun de ces trois mutants ainsi que la séquence d’ARNm correspondante.

Table du Code Génétique

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