

Concours Biologie & Géologie
Epreuve de Biochimie, biologie cellulaire et génétique

Date Vendredi 14 Juin 2019	Heure : 8 H	Durée : 2 H	Nbr pages : 7
Barème :			

Corrigés

Epreuve de Biochimie

Correction de l'exercice 1

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.
 - Que permet de mettre en évidence cette réaction? Quel est le nom de cette méthode ?

C'est la méthode dite d'Edman qui permet d'identifier l'acide aminé en N terminal

- Interpréter l'expérience.
La valine est en N term

1. 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

- Quel est le rôle de la trypsine ?
C'est une endopeptidase qui hydrolyse les liaisons peptiques des acides aminés basiques du côté C term
- Interpréter l'expérience en précisant les hypothèses possibles quand à la résolution de la séquence du peptide P.
Hypothèse 1. Val-Gly-Thr-Met-Arg- Val-Met-Asp-Lys- Gly-Leu
Hypothèse 2. Val-Met-Asp-Lys- Val-Gly-Thr-Met-Arg- Gly-Leu

2. Le traitement de P par le bromure de cyanogène donne trois fragments avec les séquences suivantes :

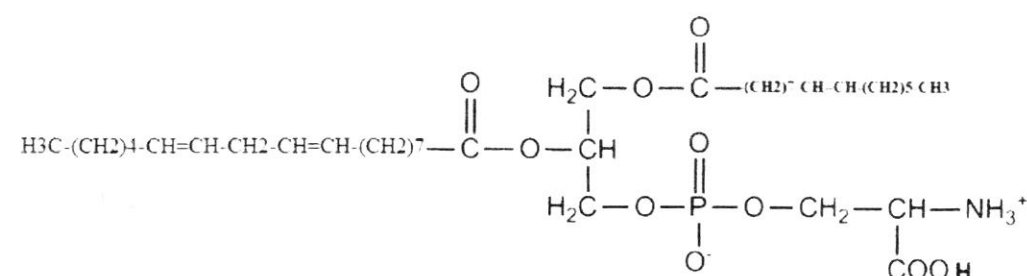
Arg-Val-Met
Val-Gly-Thr-Met
Asp-Lys-Gly-Val

- Quelle est l'action du bromure de cyanogène?
Ce réactif coupe la liaison peptidique de la méthionine du coté C term
- Interpréter l'expérience en précisant la ou les hypothèse(s) possible(s) et leur acceptation ou rejet, quand à la résolution de la séquence.
Hypothèse 1. Val-Gly-Thr-Met-Arg- Val-Met-Asp-Lys- Gly-Leu Cette hypothèse est acceptée
Hypothèse 2. Val-Met-Asp-Lys- Val-Gly-Thr-Met-Arg- Gly-Leu Cette hypothèse est rejetée le traitement par le bromure de cy aboutirait à
Val-Met
Asp-Lys-Val-Gly-Thr-Met
Arg- Gly-Leu
Ce qui n'est pas le cas
- Déduire la séquence complète du peptide Pet sa formule chimique.

Val-Gly-Thr-Met-Arg- Val-Met-Asp-Lys- Gly-Leu

Correction de l'exercice 2

- Formule développée du lipide « L » : α palmitoléyl β linoléyl glycérophosphorylsérine



- Quelle est l'action des phospholipases A sur ce composé ? Indiquer les noms des produits libérés.

Pour rappel, **les phospholipases** sont des enzymes qui hydrolysent les phospholipides. On distingue selon le site d'action de l'enzyme :

- **La phospholipase A1** (PLA1, EC 3.1.1.32) clive la chaîne acyle qui estérifie la fonction alcool primaire du résidu glycérol, libérant un acide gras (et un 1-lysophospholipide),
- **La phospholipase A2** (PLA2, EC 3.1.1.4) clive la chaîne acyle qui estérifie la fonction alcool secondaire du résidu glycérol, libérant un acide gras (et un 2-lysophospholipide),

Correction de l'Exercice 2 : (9 points)

- ADN brin transcrit (0,5+0,5 point); ADN brin non transcrit (0,5+0,5 point); ARNm (0,5+0,5 point); ARNt (0,5+0,5 point); Protéine (0,5+0,5 point)

		sens									sens
ADN double brin	Brin nt	3'	CGC	CAG	GAC	ATA	TAA	TGT	TGT	TAA	5'
	Brin t	5'	GCG	GTC	CTG	TAT	ATT	ACA	ACA	ATT	3'
ARNm		3'	CGC	CAG	GAC	AUA	UAA	UGU	UGU	UAA	5'
ARNt			5'GCG3'	5'GUC3'	5'CUG3'	5'UAU3'	5'AUU3'	5'ACA3'	5'ACA3'	5'AUU3'	
Chaines en acides amines		COOH	Arg	Asp	Gln	Ile	Asn	Cys	Cys	Asn	NH2

Justification : Le sens de transcription de l'ARNm peut être déduit à partir de l'aa Asn qui peut avoir deux codons possible soit (AAU) ou (AAC). Dans le tableau l'ARNt correspondant à l'aa Asn possède la séquence (A . U) par conséquent la séquence de son ARNm est (U . A) donc le codon correspondant à l'aa est (AAU) et le sens de l'ARNm est de droite (5') à gauche (3'). (0,5 point)

Le brin non transcrit de l'ADN peut être déduit à partir l'aa Cys qui peut être codé par (UGU) ou (UGC). D'après le tableau la séquence du brin non transcrit est 3' . . T 5' donc on peut conclure que le codon correspondant est le (UGU). (0,5 point)

- Evènements mutationnels correspondants aux 3 mutants :

ARNm (+) 5'..... AAU UGU UGU AAU AUA CAG GAC CGC.....3'

40 41 42 43 44 45 46 47

Protéine (+) NH2Asn -Cys -Cys -Asn -Ile -Gln -Asp -Arg....COOH

40 42

Protéine (m1) NH2.....Lys-Leu-Leu COOH

ARNm (m1) 5'.....AAA UUG UUG UAA UAU ACA GGA CCG C.....3'

Mutation : frame shift par **addition de A** (sur l'ARNm, donc T sur le brin transcrit de l'ADN) au niveau du codon 40, ce qui provoque l'apparition d'un codon STOP (1 point)

40 47

Protéine (m2) NH2.....Ile - Val- Val - Ile - Tyr- Arg- Thr- Ala.....COOH

ARNm (m2) 5'....AUU GUU GUA AUA UAC AGG ACC GC3'

Mutation : frame shift par **soustraction de A** (sur l'ARNm, donc T sur le brin transcrit de l'ADN) au niveau du codon 40, ce qui provoque un décalage du cadre de lecture (1 point)

40 43

Protéine (m3) NH.....Asn-Gln-Asp-Arg....COOH

ARNm (m3) 5'....AAU CAG GAC CGC3'

Mutation : **délétion** de la séquence d'ADN du codon 41 au codon 44 (1 point)

Sous forme de spores on aura :

50% spores AP : 25% (b+ c+) [+] et 25% (b c) [cyt⁻ bio⁻] (0.5 point)

50% spores AR : 25% (b+ c) [cyt⁻] et 25% (b c+) [bio⁻] (0.5 point)

Sous forme de tétrades :

D'après la carte génétique on a :

$$d_{(b+, b-)-c} = 0 \text{ et } q = \text{fréqPostR}_{(b+, b-)} = 0$$

$$\text{et } d_{(c+, c-)-c} = 0,22 < 2/3 \text{ d'où } r = \text{fréqPostR}_{(c+, c-)} = 2 \times 0,22 = 0,44. (0.5 \text{ point})$$

$$\text{Donc } \text{fréq}(T) = q + r - 3/2qr = r = 0,44 \text{ et } DP = DR = 0,66 (0.5 \text{ point})$$

Ainsi, on aura :

33% de tétrades DP : 2 spores [+] (b+ c+) et 2 spores [cyt⁻ bio⁻] (b c) (0.5 point)

33% de tétrades DR : 2 spores [cyt⁻] (b+ c) et 2 spores [bio⁻] (b c+) (0.5 point)

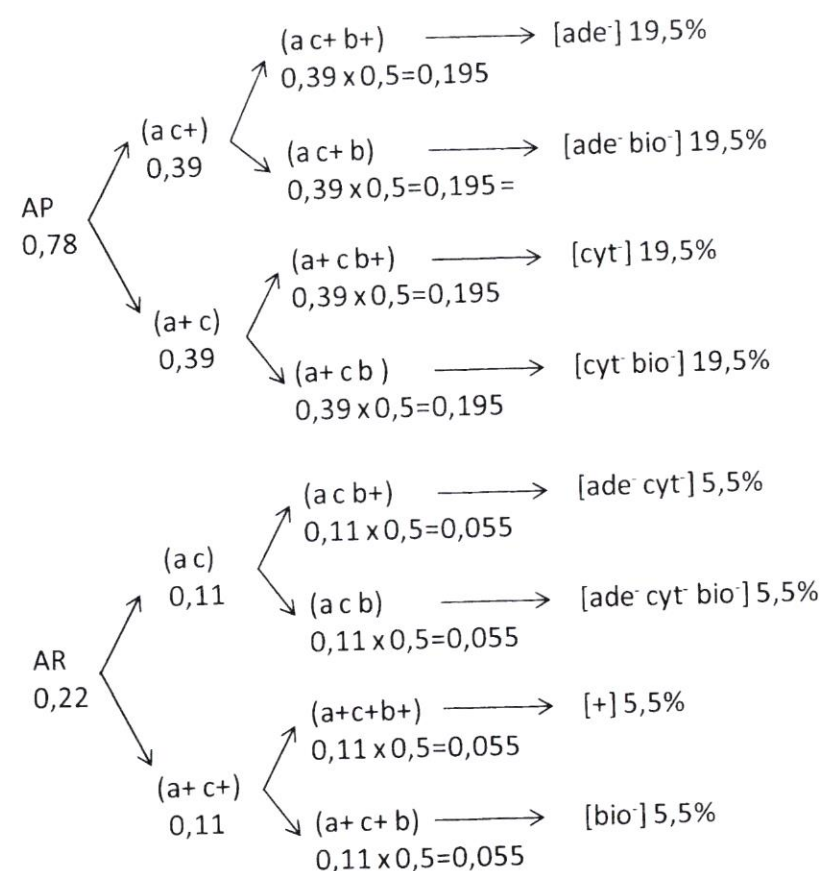
44% de tétrades T : 1 spore [+] (b+ c+), 1 spore [cyt⁻ bio⁻] (b c), 1 spore [cyt⁻] (b+ c) et 1 spore [bio⁻] (b c+). (0.5 point)

4. Croisement $S_1 \times S_2$:

S_1 [ade⁻] (a b+ c+) x S_2 [cyt⁻ bio⁻] (a+ b c)

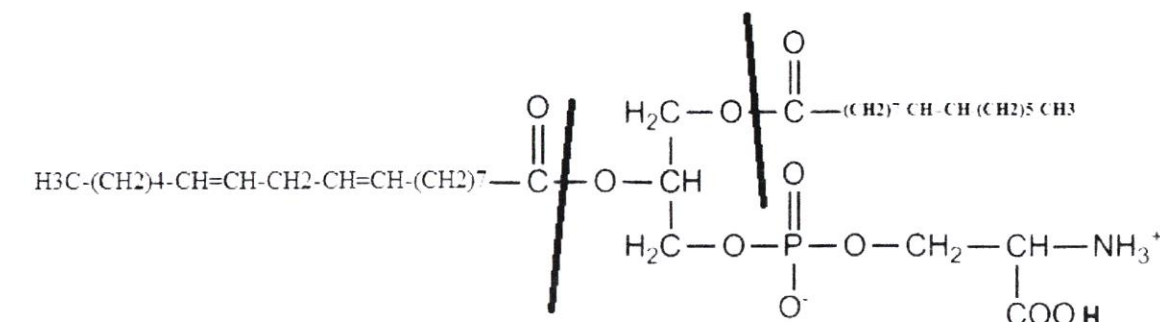
Les deux souches croisées diffèrent par les 3 gènes (a+, a), (b+, b) et (c+, c) avec (a+, a) et (c+, c) liés à une distance de 0,22M et (b+, b) indépendant. (0.5 point)

Ainsi on aura : (1,5 points)



- La **phospholipase B** (PLB) est une combinaison des deux activités enzymatiques précédentes, qui clive les chaînes acyle estérifiant les deux hydroxyles libres du glycérol,
- La **phospholipase C** (PLC, EC 3.1.4.3) hydrolyse la liaison ester entre le glycérol et le phosphate, libérant un diglycéride et un phosphate d'alcool,
- La **phospholipase D** (PLD, EC 3.1.4.4) lyse la fonction ester entre la fonction acide du phosphate et l'alcool, libérant un acide phosphatidique et un alcool.

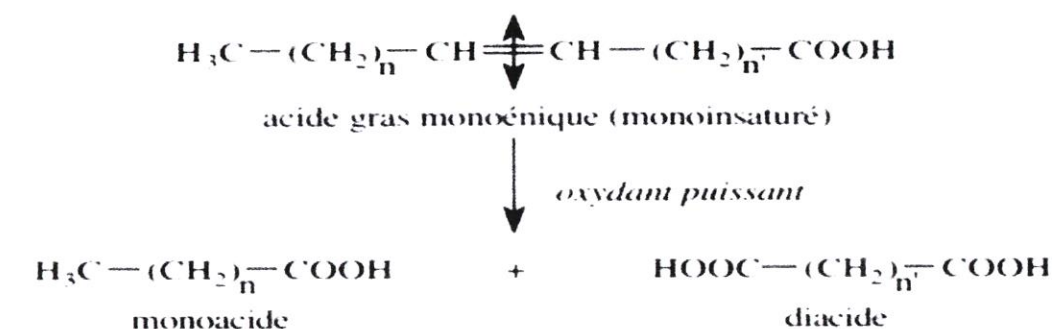
Ainsi, sur le lipide « L » et après action des phospholipases A (**PLA1 et PLA2**), on obtient la libération des deux acides gras : l'acide palmitoléique et l'acide linoléique et un glycéro-phosphatidylsérine (lysophospholipide)



3. Les acides gras libérés, après action des phospholipases A, ont subi une oxydation permanganique en milieu alcalin.

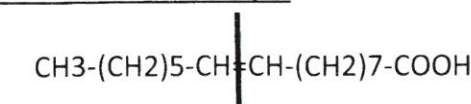
a. Rappeler le principe de l'oxydation d'un lipide par des ions permanganates

L'oxydation d'un lipide par les ions permanganates (càd l'oxydation par le permanganate de potassium KMnO_4 en milieu alcalin) provoque la coupure de l'acide gras au niveau de la double liaison ce qui donne deux acides carboxyliques. Il y donc formation d'un acide et d'un diacide pour chaque double liaison. Cette réaction permet de déterminer la position de la double liaison dans la molécule



b. Indiquer les structures chimiques des produits libérés.

Acide palmitoléique : acide cis-9-hexadécénoïque

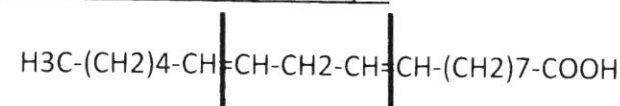


Les produits obtenus sont :

Un monoacide : $\text{CH}_3-(\text{CH}_2)_5-\text{COOH}$

Un diacide : $\text{HOOC}-(\text{CH}_2)_7-\text{COOH}$

Acide linoléique : Acide cis 9, 12-octadécadiénoïque



Les produits obtenus sont :

Un monoacide $\text{CH}_3-(\text{CH}_2)_4-\text{COOH}$

Deux diacides : $\text{HOOC}-(\text{CH}_2)_7-\text{COOH}$ et $\text{HCOO}-(\text{CH}_2)_7-\text{COOH}$

4. Par ailleurs, les acides gras libérés après action des phospholipases A, ont subi un traitement par le réactif de Wijs.

a. Que permet de mettre en évidence cette réaction ?

La méthode de Wijs est une méthode de titrage utilisée pour déterminer l'indice d'iode d'un lipide. L'indice d'iode est la quantité en iode I_2 (en grammes) capable de se fixer sur les doubles des acides gras contenus dans cent grammes de matière grasse. Cette méthode permet donc de déterminer le nombre de doubles liaisons que possède un acide gras.

b. Calculer l'indice d'iode des acides gras libérés.

Indice d'iode de l'acide palmitoléique.

La chaîne carbonée de l'acide palmitoléique compte une double liaison $\text{C}=\text{C}$. Une mole de cet acide gras consomme donc une mole d'iode (I_2).

Le poids moléculaire de l'acide palmitoléique $\text{CH}_3-(\text{CH}_2)_7-\text{CH}=\text{CH}-(\text{CH}_2)_7-\text{COOH}$ ($\text{C}_{16}\text{H}_{30}\text{O}_2$) est égale à $[(16 \times 12) + (30 \times 1) + (2 \times 16)] = 254 \text{ g} \cdot \text{mol}^{-1}$

$100/254 = 0,393 \text{ mol d'acide palmitoléique}$

Soit $1 \times 0,393 = 0,322 \text{ mol d'iode}$

Masse molaire $\text{I}_2 = 2 \times 127 = 254 \text{ g/mol}$

Masse d'iode : $254 \times 0,393 = 100 \text{ g}$

Indice d'iode de l'acide palmitoléique = $100 \text{ (gI}_2/100\text{g)}$.

Indice d'iode de l'acide linoléique.

La chaîne carbonée de l'acide linoléique compte deux doubles liaisons $\text{C}=\text{C}$. Une mole de cet acide gras consomme donc deux moles d'iode (I_2).

Le poids moléculaire de l'acide linoléique $\text{H}_3\text{C}-(\text{CH}_2)_4-\text{CH}=\text{CH}-\text{CH}_2-\text{CH}=\text{CH}-(\text{CH}_2)_7-\text{COOH}$ ($\text{C}_{18}\text{H}_{32}\text{O}_2$) est égale à $[(18 \times 12) + (32 \times 1) + (2 \times 16)] = 280 \text{ g} \cdot \text{mol}^{-1}$

$100/280 = 0,357 \text{ mol acide linoléique}$

Soit $2 \times 0,357 = 0,714 \text{ mol d'iodes}$

Masse molaire $\text{I}_2 = 2 \times 127 = 254 \text{ g/mol}$

Masse d'iode : $254 \times 0,714 = 181,42 \text{ g}$

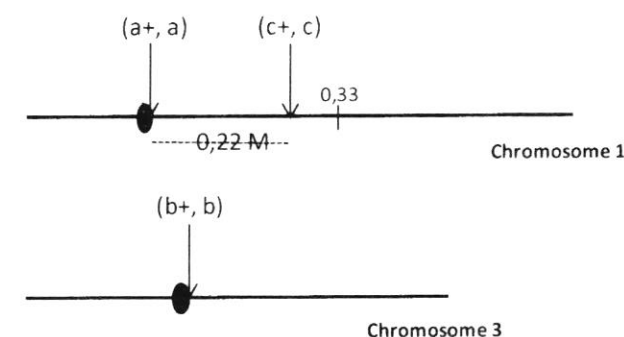
Indice d'iode de l'acide linoléique = $181 \text{ (gI}_2/100\text{g)}$

Epreuve de Génétique

Correction de l'Exercice 1 : (11 points)

1. Soient les gènes (a+, a) responsable de l'auxotrophie à l'adénine, (b+, b) responsable de l'auxotrophie à la biotine et (c+, c) responsable de l'auxotrophie à la cytosine.

Carte génétique : (1 point)



2. Génotypes de S_1 , S_2 , et S :

S_1 : (a b+ c+) (0.5 point); S_2 : (a+ b c) (0.5 point); S : (a+ b+ c+) (0.5 point)

3. Croisement $S \times S_1$:

S [+] (a+ b+ c+) $\times S_1$ [ade⁻] (a b+ c+)

Les deux souches croisées diffèrent par le gène (a+, a) qui est collé au centromère du chromosome 1. Ainsi, $d_{(a+, a)-c} = 0$ et $p = \text{fréqPostR}_{(a+, a)} = 0$ (1 point)

Sous forme de spores, on aura :

50% spores [+] (a+) et 50% spores [ade⁻] (a) (0.5 point)

Sous forme de tétrades, on aura 100% de tétrades pré-réduites :

[+] (a+) [ade⁻] (a)

[+] (a+) [ade⁻] (a)

[ade⁻] (a) [+] (a+)

[ade⁻] (a) [+] (a+)

50% 50%

(0.5 point) (0.5 point)

Croisement $S \times S_2$:

S [+] (a+ b+ c+) $\times S_2$ [cyt⁻ bio⁻] (a+ b c)

Les deux souches croisées diffèrent par les deux gènes (b+, b) et (c+, c) avec (b+, b) qui est collé au centromère du chromosome 3 et (c+, c) à une distance de 22cM du centromère du chromosome 1. Donc les deux gènes (b+, b) et (c+, c) sont génétiquement et physiquement indépendants. (0,5 point)