



## CORRECTIONS

### EPREUVE DE BIOCHIMIE

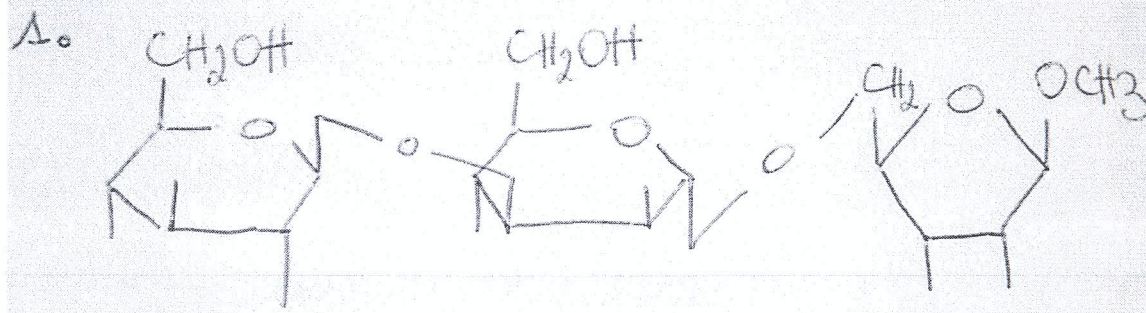
#### EXERCICE 1

<p>Etape 1. Le peptide P est traité par le 2,4-dinitrofluorobenzène (DNFB). Ce traitement aboutit à la formation du DNP-Ala</p> <p>a. Que permet de mettre en évidence la méthode de Sanger ?</p>	<p>L'acide aminé en l'extrémité N terminal</p>
<p>b. Interpréter l'expérience.</p>	<p>L'AA en N term est l'Ala</p>
<p>Etape 2. Le traitement par la chymotrypsine a donné les trois fragments peptidiques suivants: Gly-Ala, Ala-Leu-Asp-Arg-Trp, et Ala-Gly-Thr-Lys-Tyr</p> <p>a. Quel est le rôle de la chymotrypsine ?</p>	<p>la chymotrypsine est une endopeptidase qui coupe la liaison peptidique des acides aminés aromatiques (Trp, Tyr, Phe) du côté C term</p>
<p>b. Interpréter l'expérience en précisant les hypothèses possibles quand à la résolution de la séquence du peptide P.</p>	<p>L'hypothèse 1 est : NtAla-Leu-Asp-Arg-Trp /Ala-Gly-Thr-Lys-Tyr/Gly-Ala</p> <p>L'hypothèse 2 est : NtAla-Gly-Thr-Lys-Tyr/Ala-Leu-Asp-Arg-Trp-/Gly-Ala</p>
<p>Etape 3. Le traitement par la trypsine donne trois fragments avec les séquences suivantes: Trp-Gly-Ala, Tyr-Ala-Leu-Asp-Arg et Ala-Gly-Thr-Lys</p> <p>a. Quel est le rôle de la trypsine ?</p>	<p>La trypsine est une endopeptidase qui coupe la liaison peptidique des acides aminés basiques (Lys, Arg, His) du côté C term</p>
<p>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 du peptide P.</p>	<p>L'hypothèse 1 est rejetée : NtAla-Leu-Asp-Arg/-Trp-Ala-Gly-Thr-Lys/-Tyr-Gly-Ala</p> <p>L'hypothèse 2 est validée : NtAla-Gly-Thr-Lys/-Tyr-Ala-Leu-Asp-Arg/-Trp-Gly-Ala</p>
<p>c. Déduire la séquence complète du peptide P.</p>	<p>La séquence complète du peptide est donc :</p> <p>NtAla-Gly-Thr-Lys-Tyr-Ala-Leu-Asp-Arg-Trp-Gly-Ala</p>



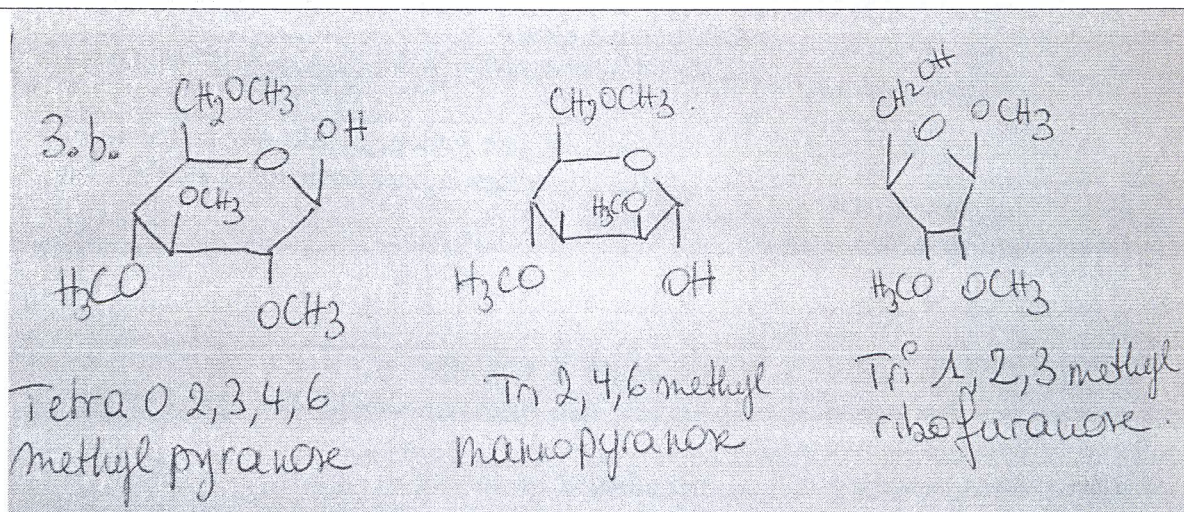
## EXERCICE 2.

$\beta$  D glucopyranosido (1-3)  $\alpha$  D mannopyranosido (1-5)  $\beta$  D 1-methylribofuranoside



## Partie I.

2. Le triholoside T est-il réducteur ? Justifier la réponse.	Ce triholoside n'est pas réducteur car Les deux réponses sont acceptées <ul style="list-style-type: none"> <li>- le carbone anomérique est méthylé, donc il n'est pas capable du phénomène de mutarotation.</li> <li>- Le nom se termine par oside.</li> </ul>
3-Le triholoside T a subi une perméthylation exhaustive (ou généralisée) par un agent méthylant. a-Rappeler le principe de la réaction de perméthylation	On appelle perméthylation la réaction prolongée conduisant à la méthylation de tous les hydroxyles OH accessibles d'un ose.
b-Quels sont les dérivés obtenus après perméthylation suivie d'une hydrolyse acide (structures et dénominations) ?	



4-Le triholoside T subit ensuite une oxydation périodique, a-Principe de la réaction d'oxydation périodique d'un ose	Pour un ose cyclique, l' $\text{HIO}_4$ est un oxydant fort qui produit une ouverture du cycle au niveau de la fonction semi-acétalique <b>libre</b> puis coupe entre 2 carbones adjacents porteurs d'une fonction hydroxyle OH <b>libre</b> .
---	--

b- Quel est le nombre de moles de périodate consommé et le nombre de moles d'acide formique (HCOOH) libéré ?	moles de périodate ont été consommées et une mole d'acide formique a été produite.
<b>Partie II.</b>	
1-Que signifie le terme « conditions initiales » ?	Conditions initiales : à saturation de substrat, $E \ll S$ et $S \gg P$
2-Calculer l'activité spécifique de la $\beta$ glucosidase.	$2 \cdot 10^{-2}$ moles en 10 min donc $2 \cdot 10^{-3}$ moles/min Soit $2 \cdot 10^{-3}$ moles/min $\rightarrow$ 1 mL de solution soit 5,70 mg de protéines $X = 2 \cdot 10^{-3} / 5,70 = 0,35 \cdot 10^{-3}$ moles/min $\rightarrow$ 1 mg de protéines
3-Calculer l'activité spécifique molaire en considérant que l'expérience est réalisée en présence d'une enzyme pure (PM=110 kDa).	<p><b>L'activité spécifique est de <math>3,5 \cdot 10^{-4}</math> moles/min/mg ou <math>3,5 \cdot 10^2</math> UI/mg de protéines</b></p> <p>Soit 1 mole de E <math>\rightarrow</math> 110000g  <math>X = 10^{-3} / 110000 = 9 \cdot 10^{-9}</math> moles de E <math>\rightarrow</math> 1 mg = <math>10^{-3}</math> g          Or <math>0,35 \cdot 10^{-3}</math> moles/min <math>\rightarrow</math> 1 mg de protéines          Soit <math>0,35 \cdot 10^{-3}</math> moles/min <math>\rightarrow</math> <math>9 \cdot 10^{-9}</math> moles de protéines  <math>0,35 \cdot 10^{-3} / 9 \cdot 10^{-9} = 3,85 \cdot 10^4</math> moles/min <math>\rightarrow</math> 1 mole de protéines</p> <p>Soit par seconde, <math>3,85 \cdot 10^4 / 60</math>  <b>L'activité spécifique molaire est de <math>641,67 \text{ sec}^{-1}</math></b> </p>



## EPREUVE DE GENETIQUE

---

### Exercice 1 : (8 points)

1/

Brin transcrit 3'.....TATACTAATCGCGATAAACGCTCCCCGAGTTT .....5'

ARNm 5'..... AUAUGAUUAGCGCUAUUUGCGAGGGGCUCAAA.....3'

2/

ARNm 5'..... AUAUGAUUAGCGCUAUUUGCGAGGGGCUCAAA...3'

Début de la protéine NH<sub>2</sub> – Met – Ile – Ser – Ala – Ile – Cys – Glu – Gly – Leu – Lys –..... COOH

3/ et 4/

**Mutant 1 :**ARNm 5'..... AUAUGAUUAGCGCUAUUUGAGAGGGGCUCAAA...3'

STOP

Début de la protéine NH<sub>2</sub> – Met – Ile – Ser – Ala – Ile – COOH**Ou**ARNm 5'..... AUAUGAUUAGCGCUAUUAGGAGGGGCUCAAA...3'

STOP

Début de la protéine NH<sub>2</sub> – Met – Ile – Ser – Ala – Ile – COOH

Nature de la mutation : Substitution de C en A ou Addition de A au niveau du codon de la Cys. D'où création du codon STOP UGA ou UAG.

**Mutant2 :**Protéine (+) NH<sub>2</sub> – Met – Ile – Ser – Ala – Ile – Cys – Glu – Gly – Leu – Lys –..... COOH

ARNm 5'..... AU AUG AUU AGC G(C)UA UUU GCG AG(AouG) GGG CUC AAA...3'

soustraction

addition

Début de la protéine NH<sub>2</sub> – Met – Ile – Ser – Val – Phe – Ala – Arg – Gly – Leu – Lys –.....COOH

Nature de la mutation : Soustraction de C au niveau du codon de l'Ala et addition de A au niveau du codon de la Glu : deux mutations Frame Shift, la 1<sup>ère</sup> fait un décalage du cadre de lecture et la 2<sup>ème</sup> le rétablit.

## **Exercice 2 : (12 points)**

1/

- S [N] x S1 [J] donne 420 spores [N] et 420 spores [J]

Au niveau de la descendance on a les mêmes phénotypes que les parents et en proportions égales, donc la ségrégation 2/2 est vérifiée. Ceci implique que les 2 souches croisées diffèrent par 1 couple d'allèles, soit (a+, a), avec l'allèle a+ donne [N] et l'allèle a donne [J]

- S [N] x S2 [R] donne 380 spores [N] et 380 spores [R]

Au niveau de la descendance on a les mêmes phénotypes que les parents et en proportions égales, donc la ségrégation 2/2 est vérifiée. Ceci implique que les 2 souches croisées diffèrent par 1 couple d'allèles, soit (b+, b), avec l'allèle b+ donne [N] et l'allèle b donne [R]

2/

- S [N] x S3 [B] donne 120 asques à 2 spores [R] et 2 spores [J] et 120 asques à 2 spores [N] et 2 spores [B]

Au niveau de la descendance, la ségrégation 2/2 n'est pas vérifiée puisqu'il y a apparition de nouveaux phénotypes. Ceci implique que les 2 souches croisées diffèrent par au moins 2 couples d'allèles, soit (a+, a) et (b+, b)

Hypothèse : les deux gènes sont génétiquement indépendants.

S [N] x S3 [B]

(a+ b+) x (a b)

Ainsi, on aura :  $\frac{1}{2}$  AP {(a+ b+) : [N] et (a b) : [B]}

$\frac{1}{2}$  AR {(a+ b) : [R] et (a b+) : [J]}

D'où les asques :

DP : 2 spores [N] (a+ b+) et 2 spores [B] (a b)

DR : 2 spores [R] (a+ b) et 2 spores [J] (a b+) avec DP = DR

T : 1 spore [N] (a+ b+), 1 spore [B] (a b), 1 spore [R] (a+ b) et 1 spore [J] (a b+)

Or au niveau de la descendance, on a obtenu uniquement 2 types d'asques qui correspondent aux DP = 120 et DR = 120, on vérifie donc que DP = DR, ce qui implique que l'hypothèse de l'indépendance génétique est vérifiée

De plus, les asques de type T ne sont pas obtenus, donc fréquence (T) = 0.

Or fréquence (T) =  $p + q - 3/2 pq$

avec : p = fréquence post-réduction du gène (a+, a) et

$q$  = fréquence post-réduction du gène ( $b^+$ ,  $b$ )

Or si fréquence ( $T$ ) = 0 alors  $p = 0$  et  $q = 0$ .

Donc les 2 gènes ( $a^+$ ,  $a$ ) et ( $b^+$ ,  $b$ ) sont chacun marqueur de son centromère, et sont ainsi portés par deux chromosomes différents

Le caractère couleur de la spore chez cet organisme haploïde est contrôlé par deux gènes, génétiquement et physiquement indépendants car portés par deux chromosomes différents, chacun étant collé à son centromère.

3/

S [N Leu+] x S4 [J Leu-] donne 427 spores [N Leu+], 423 spores [J Leu-], 73 spores [N Leu-] et 77 spores [J Leu+].

On remarque que 2 caractères sont étudiés dans ce croisement, qui sont la couleur de la spore et l'auxotrophie à la leucine. Or on connaît d'après les questions précédentes que la couleur de la spore est contrôlée par les 2 gènes ( $a^+$ ,  $a$ ) et ( $b^+$ ,  $b$ ) qui sont génétiquement indépendants.

Concernant le caractère auxotrophie à la leucine, soit le couple d'allèles ( $c^+$ ,  $c$ ).

D'où les génotypes des parents : S [N Leu+] x S4 [J Leu-]

( $a^+$   $c^+$ )      ( $a$   $c$ )

Ce qui implique que les deux souches croisées diffèrent par les 2 couples d'allèles ( $a^+$ ,  $a$ ) et ( $c^+$ ,  $c$ ).

Hypothèse : Les deux gènes sont génétiquement indépendants

On aura donc : AP {( $a^+$   $c^+$ ) : [N Leu+]} et ( $a$   $c$ ) : [J Leu-]}

AR {( $a^+$   $c$ ) : [N Leu-]} et ( $a$   $c^+$ ) : [J Leu+]}

avec AP = AR, ce qui implique que les quatre types de spores devraient être équiprobables, ce qui n'est pas le cas au niveau de la descendance obtenue.

On a d'ailleurs AP  $\gg$  AR, ce qui rejette l'hypothèse de l'indépendance génétique au profit de la liaison.

Ainsi, les deux gènes ( $a^+$ ,  $a$ ) et ( $c^+$ ,  $c$ ) sont liés.

On a donc :

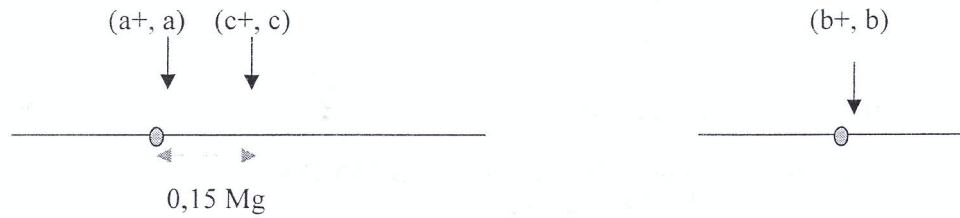
427 spores [N Leu+] sont ( $a^+$   $c^+$ )  
 423 spores [J Leu-] sont ( $a$   $c$ )       $AP = 427 + 423 = 850$

et

73 spores [N Leu-] sont ( $a^+$   $c$ )  
 77 spores [J Leu+] sont ( $a$   $c^+$ )       $AR = 73 + 77 = 150$

d'où la distance g-g =  $AR/AP + AR = 150 / 1000 = 0.15$  Mg ou 15 cMg.

4/ Carte génétique :



5/ S3 [B Leu+] x S4 [J Leu-] : les 2 souches croisées diffèrent par 2 caractères : la couleur de la spore et l'auxotrophie à la leucine.

D'où les génotypes des parents :

S3 [B Leu+] x S4 [J Leu-]

$(a^+ b^+ c^+)$        $(a^+ b^+ c)$

Donc les parents diffèrent par les couples d'allèles  $(b^+, b)$  et  $(c^+, c)$ .

Or ces deux gènes sont portés par des chromosomes différents, et sont donc génétiquement indépendants, avec  $(b^+, b)$  collé au centromère et  $(c^+, c)$  séparé du centromère d'une distance de  $0,15 \text{ Mg}$ ,

Ainsi, S3 [B Leu+] x S4 [J Leu-] donne :

$(b^+ c^+)$        $(b^+ c)$

AP  $\{(b^+ c^+) : [B \text{ Leu}^+] \text{ et } (b^+ c) : [J \text{ Leu}^-]\}$

AR  $\{(b^+ c) : [B \text{ Leu}^-] \text{ et } (b^+ c^+) : [J \text{ Leu}^+]\}$  avec AP = AR

Donc, la descendance attendue sur 1000 spores en vrac sera formée de :

250 spores [B Leu+], 250 spores [J Leu-], 250 spores [B Leu-] et 250 spores [J Leu+]

6/

S3 [B Leu+] x S4 [J Leu-]

Les 2 souches croisées diffèrent par les 2 couples d'allèles  $(b^+, b)$  et  $(c^+, c)$  qui sont portés par des chromosomes différents, avec  $(b^+, b)$  collé au centromère,

donc  $q = \text{fréquence post-réduction } (b^+, b) = 0$

et  $(c^+, c)$  est séparé du centromère d'une distance de  $0,15 \text{ Mg}$ ,

d'où  $r = \text{fréquence de post réduction } (c^+, c) = 2 \times \text{distance} = 2 \times 0,15 = 0,3$

Ainsi, on aura :

DP : 2 spores  $(b^+ c^+) : [B \text{ Leu}^+] \text{ et } 2 \text{ spores } (b^+ c) : [J \text{ Leu}^-]$

DR : 2 spores (b c) : [B Leu-] et 2 spores (b+ c+) : [J Leu+] avec DP = DR

T : 1 spore (b c+): [B Leu+], 1 spore (b+ c): [J Leu-], 1 spore (b c): [B Leu-] et 1 spore (b+ c+): [J Leu+].

Or, fréquence (T) =  $q + r - 3/2 qr = r = 0,3$  car  $q = 0$ .

Donc la descendance sous forme de tétrades sera : 30% T, 35% DP et 35% DR.