

SESSION 2016

**CAPET
CONCOURS EXTERNE**

**Section : BIOTECHNOLOGIES
Option : BIOCHIMIE – GÉNIE BIOLOGIQUE**

PREMIÈRE ÉPREUVE

Durée : 5 heures

Le dictionnaire bilingue anglais-français est autorisé.

L'usage de tout ouvrage de référence, de tout autre dictionnaire et de tout matériel électronique (y compris la calculatrice) est rigoureusement interdit.

Dans le cas où un(e) candidat(e) repère ce qui lui semble être une erreur d'énoncé, il (elle) le signale très lisiblement sur sa copie, propose la correction et poursuit l'épreuve en conséquence.

De même, si cela vous conduit à formuler une ou plusieurs hypothèses, il vous est demandé de la (ou les) mentionner explicitement.

NB : La copie que vous rendrez ne devra, conformément au principe d'anonymat, comporter aucun signe distinctif, tel que nom, signature, origine, etc. Si le travail qui vous est demandé comporte notamment la rédaction d'un projet ou d'une note, vous devrez impérativement vous abstenir de signer ou de l'identifier.

Tournez la page S.V.P.

UN GÉNOME, DES PROTÉOMES

En 1994, lors d'un symposium à Sienne (Italie) sur le thème : « 2D Electrophoresis : from protein maps to genomes », Marc Wilkins utilise pour la première fois le terme de « protéome », par analogie à celui de « génome ».

Le protéome, entité dynamique et complexe, désigne l'ensemble des protéines exprimées dans un organisme, un organe, une cellule ou un compartiment cellulaire à un moment donné et sous des conditions données.

La « protéomique » est la science qui s'attache à étudier les protéomes dont l'analyse nécessite des étapes d'extraction, de séparation, de dosage et d'identification des protéines.

Décrire une technique mise en œuvre dans chacune des étapes de l'analyse protéomique.

Cette analyse protéomique a permis de montrer que l'étude du génome et du transcriptome n'est pas suffisante pour prédire l'expression des protéines. Des mécanismes de régulation contribuent à la diversité d'expression cellulaire des protéines.

En prenant appui sur des exemples, exposer comment ces mécanismes de régulation permettent d'obtenir des protéomes à partir d'un génome.

DOCUMENTS :

- DOCUMENT 1 : définition des protéomes et perspectives

Source : extrait de l'introduction d'un article de la revue Nature du 20 mai 2014
<http://www.nature.com/nature/journal/v509/n7502/full/nature13319.html>

- DOCUMENT 2 : illustration de la diversité des protéomes issus d'un même génome

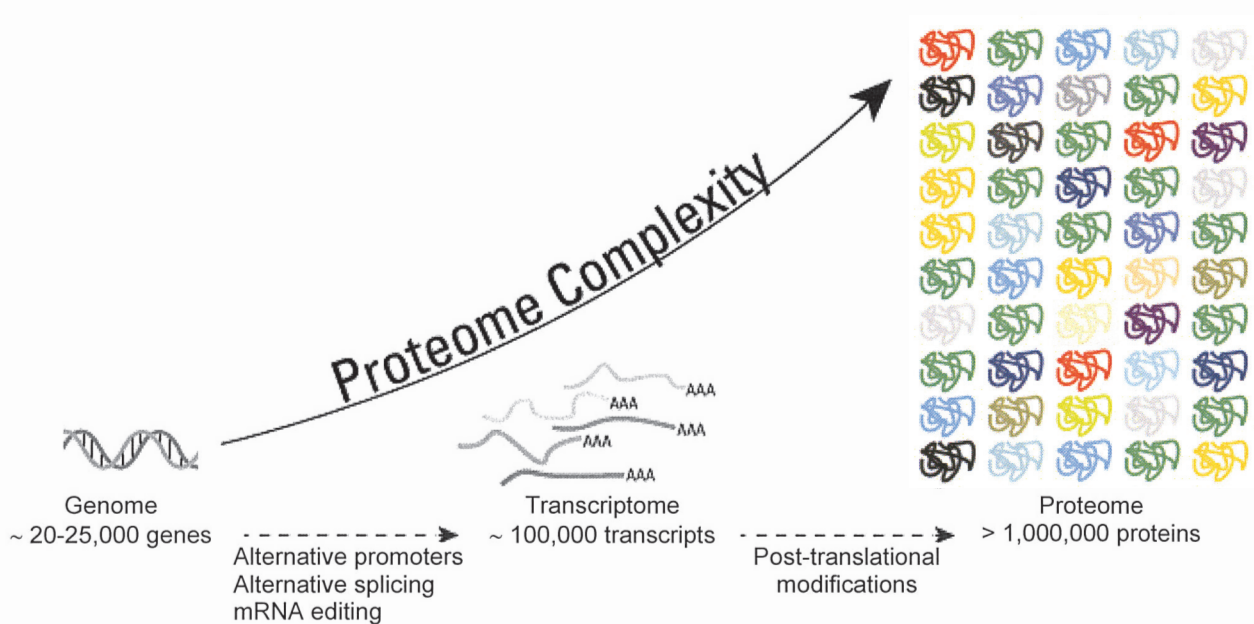
Source : <https://www.thermofisher.com/fr/fr/home/life-science/protein-biology/protein-biology-learning-center/protein-biology-resource-library/pierce-protein-methods/overview-post-translational-modification.html>

DOCUMENT 1 : définition des protéomes et perspectives

Proteomes are characterized by large protein-abundance differences, cell-type- and time-dependent expression patterns and post-translational modifications, all of which carry biological information that is not accessible by genomics or transcriptomics. [...]. The information assembled from human tissues, cell lines and body fluids enabled estimation of the size of the protein-coding genome, and identified organ-specific proteins [...]. Analysis of messenger RNA and protein-expression profiles of human tissues revealed conserved control of protein abundance, and integration of drug-sensitivity data enabled the identification of proteins predicting resistance or sensitivity. The proteome profiles also hold considerable promise for analysing the composition and stoichiometry of protein complexes. [...].

Source : extrait de l'introduction d'un article de la revue Nature du 20 mai 2014
<http://www.nature.com/nature/journal/v509/n7502/full/nature13319.html>

DOCUMENT 2 : illustration de la diversité des protéomes issus d'un même génome



Source : <https://www.thermofisher.com/fr/fr/home/life-science/protein-biology/protein-biology-learning-center/protein-biology-resource-library/pierce-protein-methods/overview-post-translational-modification.html>