

SESSION 2024

AGRÉGATION
CONCOURS EXTERNE

Section

BIOCHIMIE - GÉNIE BIOLOGIQUE

Composition de biochimie

Durée : 6 heures

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

Il appartient au candidat de vérifier qu'il a reçu un sujet complet et correspondant à l'épreuve à laquelle il se présente.

Si vous repérez ce qui vous semble être une erreur d'énoncé, vous devez le signaler très lisiblement sur votre copie, en proposer la correction et poursuivre l'épreuve en conséquence. De même, si cela vous conduit à formuler une ou plusieurs hypothèses, vous devez la (ou les) mentionner explicitement.

NB : Conformément au principe d'anonymat, votre copie ne doit comporter aucun signe distinctif, tel que nom, signature, origine, etc. Si le travail qui vous est demandé consiste notamment en la rédaction d'un projet ou d'une note, vous devrez impérativement vous abstenir de la signer ou de l'identifier. Le fait de rendre une copie blanche est éliminatoire.

Tournez la page S.V.P.

INFORMATION AUX CANDIDATS

Vous trouverez ci-après les codes nécessaires vous permettant de compléter les rubriques figurant en en-tête de votre copie. Ces codes doivent être reportés sur chacune des copies que vous remettrez.

Concours	Section/option	Epreuve	Matière
EAE	7100A	101	0398

Régulation des activités protéiques par les modifications post-traductionnelles

La publication de la séquence quasi-complète du génome humain en 2001 a révélé que celui-ci codait beaucoup moins de protéines qu'initialement supposé par les scientifiques : environ 19.000 gènes codant des protéines selon une étude publiée en 2022 contre les 50.000-100.000 attendus au démarrage du human genome project en 1989.

Comment alors expliquer qu'un organisme aussi complexe que le nôtre avec les innombrables fonctions biologiques qu'il est capable de générer s'appuie sur un panel de protéines aussi faible.

Ce questionnement trouve en partie sa réponse dans les modifications post-traductionnelles.

Dans une première partie, vous décrierez les **grands types de modifications post-traductionnelles chez les eucaryotes supérieurs animaux, en précisant leurs natures, les lieux/compartiments cellulaires où elles sont effectuées et les acteurs responsables de ces modifications.**

Vous vous interrogerez ensuite sur **les évènements moléculaires et structuraux** qu'induisent les modifications post-traductionnelles et comment il en résulte **un contrôle, une modulation des activités des protéines ciblées.**

Enfin, vous illustrerez vos propos quant au rôle des modifications post-traductionnelles chez les eucaryotes supérieurs au travers de deux exemples précis : la **dégradation protéasomale** et la **cascade de coagulation.**

La présentation de quelques approches biotechnologiques permettant de caractériser et/ou d'étudier ces modifications post-traductionnelles est également attendue.

