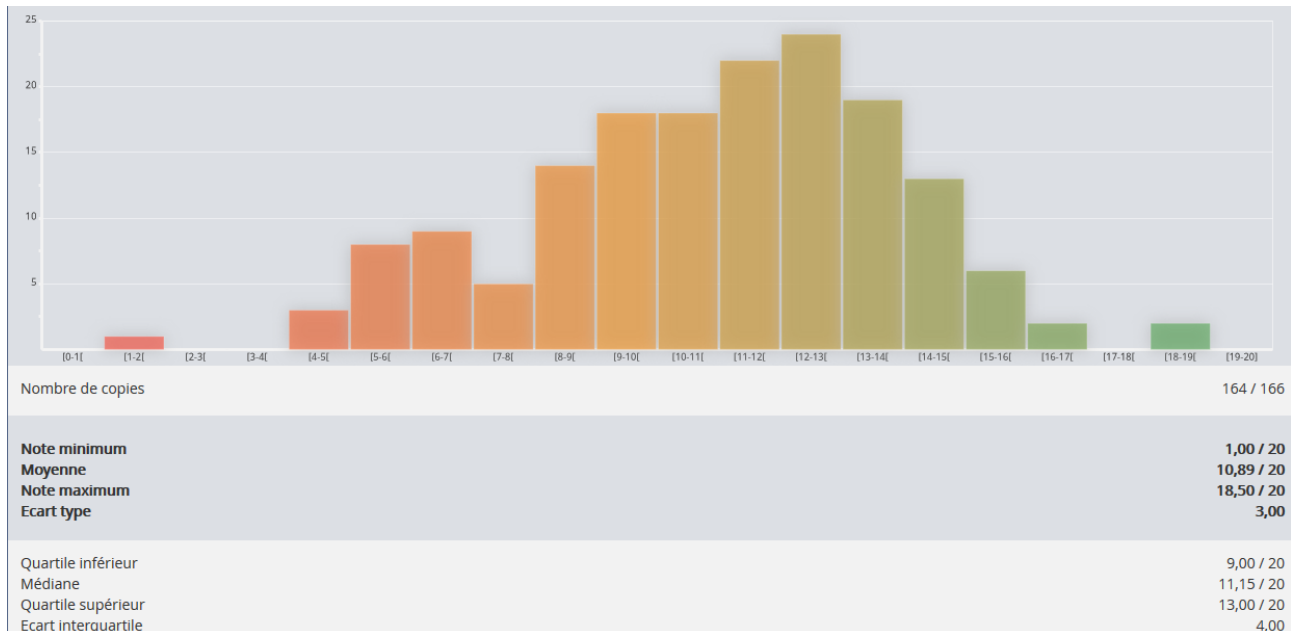


## Statistiques de l'épreuve



## Généralités

L'épreuve est organisée en 2 parties indépendantes : la première portait cette année sur les parties 1 et 2 du programme (Biochimie des protéines et leur purification et Enzymologie et génie enzymatique), la seconde sur les parties 3 et 4 (Microbiologie et génie microbiologique et Biologie Moléculaire et génie génétique). La situation sanitaire exceptionnelle au second trimestre 2020 a conduit à ne proposer aux candidats qu'une seule épreuve de Biotechnologies à l'écrit. Le sujet a néanmoins permis, cette année encore, de classer les candidats en vérifiant :

- leur bon niveau de connaissances scientifiques et technologiques ;
- leurs capacités d'analyse, de synthèse ;
- leur capacité d'adaptation des connaissances dans un contexte classique ou innovant.

L'adaptabilité est fondamentale pour leur futur métier d'ingénieur.

### Rédaction :

Une attention particulière est portée à la qualité générale de la copie, la clarté du propos et la précision du vocabulaire employé dans le respect des règles de grammaire et de syntaxe. Ces aspects sont pris en compte dans l'évaluation de l'épreuve. Cette année, le jury a noté une bonne qualité de la rédaction avec maîtrise de l'orthographe et du français. Le jury rappelle quand même aux candidats de consacrer un temps à la relecture de la copie en fin d'épreuve.

### Illustration :

Les illustrations proposées ne sont, par contre cette année, pas toujours très claires, précises et bien annotées. Une illustration ne dispense pas d'un commentaire descriptif et explicatif.

### Qualité des réponses :

Le jury a constaté cette année, dans de nombreuses copies, des réponses limitées et peu argumentées

aux questions posées. Il est important, sans se perdre dans ses propos, d'argumenter en une ou deux phrases les réponses proposées. Cela s'applique aussi aux illustrations afin d'apporter des informations nécessaires à leur compréhension, description et annotation. Il faut aussi rappeler aux candidats que les réponses doivent être apportées lorsque la question est posée (pas de réponse à la Q6 en pensant que la Q5 y répondait déjà).

Les candidats ne doivent pas hésiter à utiliser des « outils de présentation » :

- logigrammes,
- schémas, illustrations ;
- tableaux ;

leur permettant d'apporter une vision synthétique et de la clarté à leurs réponses mais, aussi, de gagner du temps tout au long de l'épreuve. Cela remplace efficacement de longs paragraphes rédigés et pas toujours bien structurés chez certains.

Il est à noter que, dans la grande majorité des copies et questions abordées, les réponses ont tenu compte du contexte des exercices, ce qui est bien.

Le jury souhaite rappeler que les deux parties sont indépendantes. Les conseils prodigués dans les rapports des précédentes années restent valables. Dans le cadre de la structure de l'épreuve, chaque partie étant notée sur 10 points, 90 minutes doivent être consacrées à chacune. Pour la partie 1, une trentaine de minutes sont dédiées à la question rédactionnelle et environ 60 minutes pour les autres questions.

L'ordre dans lequel les parties sont traitées est laissé à l'appréciation du candidat. Cette année, beaucoup de candidats ont fait l'effort de traiter de nombreuses questions du second exercice, voire d'aller au bout du sujet. Les meilleurs candidats ont su gérer le temps de composition afin d'aborder l'ensemble du sujet de façon synthétique, précise et rigoureuse.

Le jury est attentif à la bonne maîtrise des concepts de base et ne peut donc accepter des imprécisions ou des erreurs dans les bases des biotechnologies : les notions de base en enzymologie, les interactions faibles, les calculs de dilution, la structure d'une enveloppe bactérienne, le système d'induction de promoteur à l'IPTG, ...

L'absence de barre d'erreur sur un document ne doit pas interdire son exploitation.

De nombreux candidats ont fait preuve d'une bonne maîtrise des contenus du référentiel abordés dans le sujet.

La suite de ce rapport va maintenant s'attarder sur certains points particuliers. Certains propos paraîtront parfois négatifs, mais il s'agit d'aider au mieux la préparation des futurs candidats.

### Commentaires par question

Q1 : Il s'agissait d'une question simple pour entrer dans le sujet. Trop peu de candidats ont réussi à calculer la dilution mise en œuvre. Mais surtout, l'utilité de cette dilution n'est pas comprise.

Q2 : Il s'agissait simplement d'un calcul de dilution en s'appuyant sur les informations. Ces calculs de base ne sont pourtant maîtrisés que par 60% des candidats.

Q3 : Les candidats devaient justifier l'utilisation des 3 PETases. Les candidats ne devaient pas simplement recopier les valeurs données dans les documents. Ils devaient apporter une analyse des valeurs pour éliminer les PETases inintéressantes et prouver la validité du choix fait.

Q4 : La question a été correctement traitée même si beaucoup de candidats n'ont pas fait d'analyse entre les 2 spectres proposés pour justifier l'utilisation de l'un plutôt que de l'autre ; il était attendu que les candidats s'appuient sur les valeurs présentes sur les graphiques.

Q5 : La réponse devait impérativement montrer que le candidat maîtrisait les concepts de  $K_m$  et  $k_{cat}$ . Certains candidats l'ont fait explicitement en début de réponse et d'autres plus implicitement. Mais il fallait que ces notions apparaissent pour que la réponse soit complète. Comme il y avait 3 PETases à discuter, certains candidats ont choisi de présenter un tableau de valeurs qui leur a permis d'être efficaces dans leur réponse (évitant de grandes phrases).

Q6 : La question suivait la précédente en demandant d'aller cette fois sur la notion d'efficacité. Cette question a été bien traitée même si trop peu de candidats ont présenté clairement le calcul pour étayer leur réponse.

Q7 : On attendait du candidat qu'il appuie sa réponse sur la structure des acides aminés en jeu. Très peu de candidats ont fait l'effort de mettre la formule chimique. De très nombreuses réponses étaient possibles sur les conséquences tant que la justification du candidat était scientifiquement plausible.

Q8 : Il s'agissait d'une question ouverte qui permettait au candidat de mettre en avant sa réflexion. Le jury s'attachait à évaluer la qualité de cette réflexion en évaluant le lien entre la proposition faite et les arguments apportés par le candidat.

Q9 : Les interactions / liaisons faibles font partie des éléments de base incontournables. Beaucoup de candidats citent l'ensemble de ces interactions. Il fallait évidemment choisir parmi celles-ci et justifier son choix.

Q10 : L'analyse des documents devait permettre de mettre en évidence le nombre d'interactions mises en jeu mais aussi leurs distances. Comme il s'agissait de la dernière question, certains candidats ont essayé de relier les différentes informations avec celles de la Q9. Le jury a valorisé cette initiative.

Q11 : Question rédactionnelle.

La question portait sur les concepts de base en enzymologie. Beaucoup trop de candidats n'ont pas traité cette question. Certains candidats montrent des lacunes importantes sur les concepts de base en enzymologie.

Tous les candidats n'ont pas donné, alors que cela était considéré comme un minimum au vu de la question :

- L'équation de Michaëlis et Menten ;
- La signification des deux paramètres clefs associés : le  $K_m$  et le  $V_{max}$ .

A l'inverse, beaucoup de candidats ont démontré (de façon parfois très complète mais chronophage) :

- L'équation de Michaëlis et Menten ;
- L'équation de Lineweaver et Burk ;
- La signification calculatoire du  $K_m$ .

L'aspect technique de la détermination des paramètres cinétiques n'a été abordé que par très peu de candidats. Il n'était pas utile de présenter l'ensemble des détails techniques mais, a minima, de décrire les grandes lignes de leur détermination. L'utilisation de schémas a permis aux candidats de gagner du temps dans la rédaction de leur réponse.

L'exploitation mathématique des résultats expérimentaux, quand elle était faite, était correcte avec l'appui des graphiques correspondants.

Q12 : Des imprécisions voire erreurs inacceptables dans plus de 25 % des copies pour une question classique d'accueil dans cette seconde partie : schéma souvent imprécis, annotation sommaire ou fautive, pas de commentaire explicatif des représentations proposées. Des candidats (près de 39 %) ont cependant très correctement répondu à la question avec un schéma précis, rigoureux, bien annoté et commenté.

Q13 : Question classique permettant de vérifier l'adéquation de la composition d'un milieu de culture avec les types trophiques d'une souche bactérienne. Les réponses ont été de qualité variable. Prendre le temps de bien définir les types trophiques afin de bien justifier les éléments de composition considérés. Les très bonnes copies réalisent une analyse en parallèle des deux milieux LB et M9 *Bacillus subtilis* (présentation synthétique sous forme de tableau) en identifiant les composants clefs pour construire leur argumentaire, les types trophiques étant correctement définis. Erreurs retrouvées : NaCl source d'azote et de carbone, l'agar est une source de carbone, souche halophile pour  $\rho_{NaCl}$  respectivement à 10 et  $0,5 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ , ...

Q14 : On demandait aux candidats, à partir des documents, de concevoir la composition de milieux de culture afin de vérifier trois caractères phénotypiques clefs pour la suite des manipulations. Le plus simple était de présenter un milieu par caractère à partir d'une base M9 *B. subtilis* et d'indiquer les éléments ajoutés, le système indicateur de lecture après incubation (souche mésophile aérobie) et le résultat attendu. De nombreux candidats ont calculé  $\rho_{NaCl}$  à partir des données fournies ce qui était une bonne idée. La maîtrise de la conversion d'unité n'a pas toujours été au rendez-vous.

Q15 : Etude de voies métaboliques. Bilan correctement établi pour la souche sauvage, plus difficile pour la souche transformée. Le document n'a pas toujours été bien compris et donc interprété. Beaucoup de candidats n'ont pas fait attention que la souche *Bacillus* transformée ne possédait que la Xylose réductase fongique et pas la Xylose deshydrogénase.

Q16 : Dans l'ensemble, la question n'a pas posé de problème. Bien penser à signaler les deux bénéfices de l'utilisation de la souche transformée conduisant à la production de xylitol : édulcorant / conservation et diminution de l'effet Maillard par consommation du xylose (éclaircissement de la sauce soja).

Q17 : Les caractéristiques fonctionnelles de vecteur « navette » et « d'expression » sont mal maîtrisées. De nombreux candidats traitent les deux aspects sans les distinguer nettement, sans s'appuyer sur la carte du vecteur et les autres données du document 10. Pour un grand nombre, un vecteur navette implique obligatoirement un hôte procaryote et un hôte eucaryote (*Bacillus* étant l'eucaryote du couple !!). Attention au contexte quand même.

Q18 : Question classique. Les candidats, après analyse du vecteur menée en Q17 devaient choisir d'ajouter au milieu :

- l'antibiotique spécifique au *Bacillus* pour sélection des clones transformés ;
  - l'IPTG pour l'induction du promoteur pour la synthèse de la Xylose réductase fongique.
- Peu de candidats ont maîtrisé l'expression hôte spécifique des marqueurs de sélection ;

Q19 : La présentation du système d'induction à l'IPTG a été globalement mal exécutée. Les schémas, lorsqu'ils étaient présents, ne tenaient pas compte du contexte. Le gène *lac I* et la zone opérateur étaient le plus souvent absents. C'est dommage : il s'agit d'un système classique, introductif aux systèmes de promoteurs inductibles plus sophistiqués utilisés en biologie moléculaire.

Q20 : Cette question a été très peu menée à son terme. Elle nécessitait un temps de réflexion et une bonne maîtrise des connaissances en biologie moléculaire. Les candidats ayant posé un cahier des charges d'un tel clonage pour expression avant de répondre ont su développer de bons éléments de réponse. Cahier des charges à prendre en compte :

- clonage en amont du promoteur ;
- orienté donc utilisant deux enzymes de restriction différentes, pour que le codon initiateur de l'ORF de la Xylose réductase soit orienté « côté promoteur » ;
- en phase avec la séquence du peptide signal AmyQ (SP AmyQ) pour synthétiser une protéine de fusion.

On pouvait facilement éliminer les enzymes de restriction coupant en amont du promoteur ou la séquence à exprimer.

Q21 : L'analyse a été globalement bien traitée et structurée jusqu'à la conclusion. Exposer la démarche analytique a été valorisé.



## CONCOURS A TB - 2020

---

### RAPPORT DE L'ÉPREUVE ÉCRITE DE BIOTECHNOLOGIES

Q22 : L'analyse a été globalement bien traitée et structurée jusqu'à la conclusion. Comme pour la question précédente, les candidats ayant bâti une démarche analytique structurée et précise (prise en compte des témoins, des incertitudes, des échantillons testés, du contexte des manipulations, ...) ont été valorisés. On ne peut se contenter, même si elle est juste, d'une simple conclusion.

Q23 : Question ouverte. Les candidats ont très souvent présenté des propositions intéressantes. Quelques réponses croisées au fil des copies : refaire les manipulations avec le milieu de production (sauce soja), vérification de l'absence de compétitions au sein du microbiote de production, contrôle de la qualité organoleptique du produit final obtenu, tests de changement d'échelle lors de la production, déontologie face à l'utilisation d'OGM, ...