

Niveau : L2/L3

Prérequis :

- Acide aminés, liaison peptidique
- Interactions faibles (L1)
- Caractère hydrophobe, Hydrophile
- Forme mésomères

Biblio :

- Volhart
 - Voet
 - Stryer
 - Plan Bene : http://perso.ens-lyon.fr/benedicte.grebille/pperso_agregatifs/fichiers/LC2_Lecons/LC2_StructureDesProteines.pdf
-

Introduction :

Protéines assurent une multitude de fonctions biologiques. La structure des peptides jouent sur leurs propriétés

I. Structure primaires

1. Les acides aminés

- Structure des acides aminés AA
- Définition
- Conformation (Ficher)

=> Volhardt Chapitre n°26 : Acides aminés, peptides, protéines et acides nucléiques : 26.1 p.1992 (complet et illustré)

Transition : de l'acide aminé à la protéine

2. Liaisons peptidique

- polymérisation des AA
- Liaison peptidique
- Notion de dipeptide, tripeptide ...
- Notion de reste

=> Volhardt Chapitre n°26 : Acides aminés, peptides, protéines et acides nucléiques : 26.4 p.1204 (complet et illustré)

Vers une structure primaire :

Les liaisons peptidiques entre les différents résidus d'acides aminés d'une protéine déterminent sa structure primaire.

Structure primaire : séquence d'acides aminés de la chaîne polypeptidique, indépendamment de son arrangement spatial (mis à part la configuration absolue des carbones α)

- Coplanéité de la liaison peptidique due à la résonance (Volhardt 26.4 p.1204 et Voet Chap°7 1.A p.142)
- Importance de la double liaison qui empêche la rotation autour d'elle-même et contraint la conformation du squelette peptidique.
- Presque toujours trans à cause de la gêne stérique

=> Voet Chapitre n°7 : Structure tridimensionnelles des protéines p.142 (les deux se complètent sur ce sujet)

=> Volhardt Chapitre n°26 : Acides aminés, peptides, protéines et acides nucléiques : 26.4 p.1204 (Ils se complètent et c'est illustré)

Transition : La structure primaire ne permet pas d'expliquer les propriétés fonctionnelles des protéines. Les protéines dénaturées ne peuvent plus assurer leurs fonctions et ont des caractéristiques physico-chimiques semblables à celles que soient leurs structures primaires. Il faut regarder la structure 3D

II. Structure secondaire

Structure secondaire : arrangement spatial local des atomes du squelette d'un polypeptide sans tenir compte de la conformation de ses chaînes latérales Voet 104

La structure secondaire est le résultat de la rigidité des liaisons peptiques et la maximalisation des liaisons hydrogènes et autres interactions non covalentes.

1. Conséquence de la planéité de la liaison peptidique

- Notion d'angle de torsion
- ψ et ϕ
- Valeurs,
- Conformations décalées la plus stable
- Représentation de Ramachandran

=> Voet Chapitre n°7 : Structure tridimensionnelles des protéines p.142 à 145 (il y a tout, valeurs plus illustrations)

Transition : on a plusieurs configurations de structure secondaires possibles

2. Structures caractéristiques

- Conformations régies par les liaisons H
 - Point sur les liaisons H
- => Plan de la leçon sur les liaisons faibles pour la Biblio : http://perso.ens-lyon.fr/naia.corbinaeu/bin4/fichiers/LC2_Liaisons_faibles/PLAN.pdf

- Hélice- α :
- liaisons-H en intramoléculaire entre N-H et C=O,
- 4 résidus d'écarts

=> Voet Chapitre n°7 : Structure tridimensionnelles des protéines p.145 (totalement complet, très bien)

=> Volhardt Chapitre n°26 : Acides aminés, peptides, protéines et acides nucléiques : 26.4 p.1207 (moins complet)

- Feuillet β
- Feuillet plissé β antiparallèle
- Feuillet plissé parallèle

=> Voet Chapitre n°7 : *Structure tridimensionnelles des protéines* p.149 (totalement complet, très bien)
=> Volhardt Chapitre n°26 : *Acides aminés, peptides, protéines et acides nucléiques* : 26.4 p.1207 (moins complet)

- Stabilité de la protéine du aux liaison H

=> Voet Chapitre n°7 : *Structure tridimensionnelles des protéines* p.176 (totalement complet, très bien)

Transition : la structure secondaire explique le repliement local mais n'explique pas pourquoi on a une structure en 3D

III. Structure 3D

1. Structure tertiaire

- Repliment de la molécule
- Strucutre 3D
- Effet micellaire
- Site actif
- Positionnement des chaines latérales varient avec leur polarité (Voet p.168)

=> Voet Chapitre n°7 : *Structure tridimensionnelles des protéines* p.166 à 174 (totalement complet, très bien)

=> Volhardt Chapitre n°26 : *Acides aminés, peptides, protéines et acides nucléiques* : 26.4 p.1209 (moins complet)

2. Stabilité de la protéine

- Forces électrostatiques
- Forces hydrophobes
- Pont disulfures

=> Voet Chapitre n°7 : *Structure tridimensionnelles des protéines* p.174 à 179 (totalement complet, très bien)

3. Structure quaternaires (bonus)

Assemblage de plusieurs chaînes. Voet p180

Ces associations de sous-unités ont un intérêt particulier pour les enzymes. Cela permet notamment de mieux localiser les sites actifs, ou de mieux les réguler. exemple hémoglobine, Structure <http://pst.chez-alice.fr/image7/hbanim.gif>, Voet chap 10

Hémoglobine : structure quaternaire