# Efeito do pH na actividade enzimática

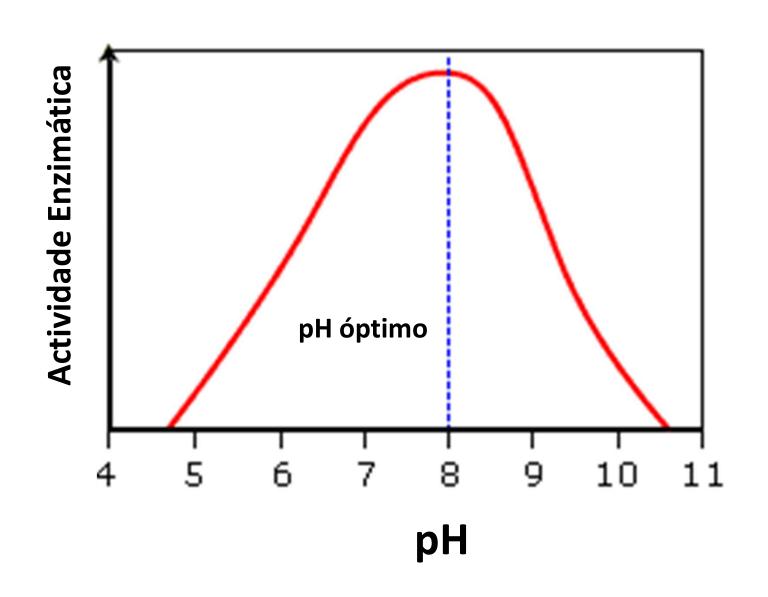
- O desconhecimento da importância da concentração hidrogeniónica na actividade enzimática foi o maior obstáculo ao sucesso dos primeiros trabalhos de cinética enzimática
- Grande amplitude da varação de [H+], desde cerca de 1M até 10<sup>-14</sup> M
- O conceito de tampão para controlar a concentração hidrogeniónica e a escala de pH foram introduzidos pelo químico sueco Sørensen em 1909, num trabalho dedicado à importância do controlo de [H<sup>+</sup>] nos estudos enzimáticos.
- Michaelis e Davis publicam em 1911 o primeiro de uma série de trabalhos sobre o efeito da concentração hidrogeniónica nas reacções enzimáticas
- A maioria dos enzimas são activos para valores de pH no intervalo 5-9 (exemplos de excepções: pepsina, fosfatase alcalina). Neste intervalo as concentrações hidrogeniónicas são muito baixas (10<sup>-5</sup> 10<sup>-9</sup> M) e extremamente sensíveis a impurezas, daí a necessidade do uso de tampões para controlar a concentração do hidrogenião.
- Os resíduos ionizáveis são aqueles que mais frequentemente ocorrem no centro acrtivo dos enzimas.

# Frequência dos aminoácidos no centro ativo dos enzimas

Amino Acid	Frequency	Enrichment
His	19.5%	8.2
Asp	17.4%	3.0
Glu	13.0%	2.0
Lys	9.3%	1.7
Arg	9.2%	1.8
Cys	6.3%	4.6
Tyr	6.2%	1.8
Ser	5.4%	0.9
Asn	3.9%	0.9
Thr	3.1%	0.6
Gln	1.8%	0.5
Phe	1.6%	0.4
Trp	1.5%	1.0
Met	0.6%	0.2
Leu	0.4%	< 0.1
Ile	0.2%	< 0.1
Val	0.2%	< 0.1
Gly	0.2%	< 0.1
Ala	0.1%	< 0.1
Pro	0.1%	< 0.1

Aminoácidos ionizáveis

## O pH afecta a actividade enzimática



# pH óptimo de alguns enzimas

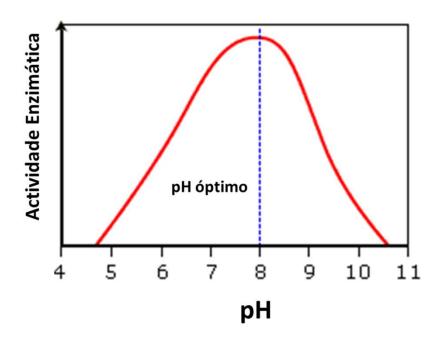
Enzyme	Source	Substrate	pH Optimum
Pepsin	Stomach	Protein	2
Chymotrypsin	Pancreas	Protein	7.8
Papain	Tropical plants	Protein	7-8
Lipase	Microorganisms	Olive oil	5-8
α-Glucosidase (maltase)	Microorganisms	Maltose	6.6
β-Amylase	Malt	Starch	5.2
β-Fructofuranosidase (invertase)	Tomato	Saccharose	4.5
Pectin lyase	Microorganisms	Pectic acid	9.0 - 9.2
Xanthine oxidase	Milk	Xanthine	8.3
Lipoxygenase, type I <sup>a</sup>	Soybean	Linoleic acid	9.0
Lipoxygenase, type II <sup>a</sup>	Soybean	Linoleic acid	6.5

## [H<sup>+</sup>] – um inibidor à parte

- Todos os enzimas são afectados pelos protões, tornando-os automaticamente mais importantes que qualquer outro inibidor
- O protão é a mais pequena de todas as espécies químicas, não sendo por isso causador de efeitos conformacionais. Isto torna possível a ocorrência de fenómenos raros, tais como a inibição competitiva pura.
- A concentração do protão poder ser medida e controlada num intervalo muito superior ao de qualquer outro modificador, pelo que é possível esperar obersvar-se a presença de quaisquer efeitos devidos à sua presença.
- Ao contrário de outros modificadores, o protão pode ligar-se a múltiplos locais na superfície do enzima, o que pode requerer o uso de um modelo cinético com múltiplos sites de ligação.

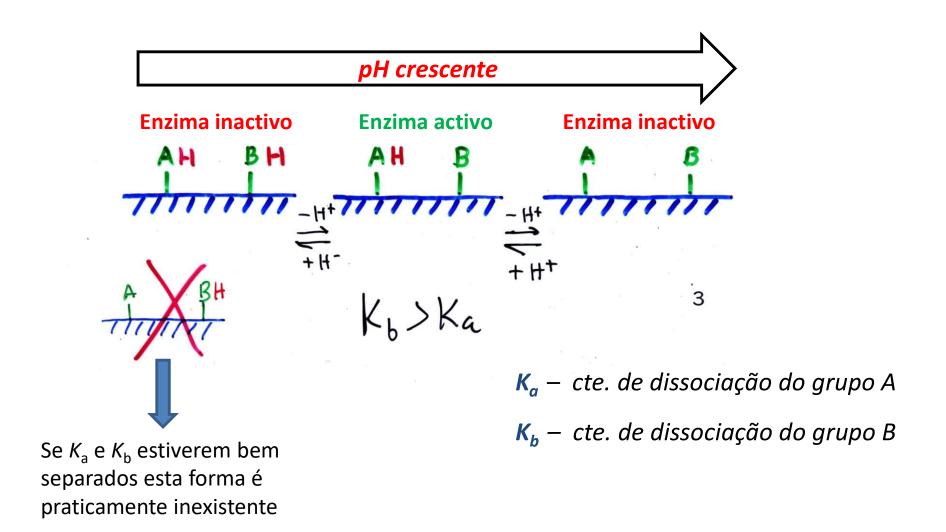
Apesar do efeito do protão poder ser visto como um caso particular de inibição hiperbólica, os aspectos apontados justificam um tratamento independente deste modificador.

A maioria dos enzimas apresenta uma curva de actividade *versus p*H do seguinte tipo:



O valor máximo de actividade é designado por pH óptimo.
 Este valor não coincide necessariamente com o ponto isoeléctrico da proteína (valor do pH para a qual a carga total da proteína é nula)

 A dependência do pH pode ser explicada pela dissociação de dois grupos ionizáveis na superfície do enzima:



# $pK_a$ dos grupos ionizáveis dos aminoácidos proteicos $pK_a = -\log K_a$

Residue	Chemical	Type	water	protein	Min	Mean	Max	Dance
Residue		Type	water	protein	IVIIII	Mean	Max	Range
	group		pK <sub>a</sub>	$pK_a$				
C-terminal	$\alpha$ -Carboxyl	Anionic	2.33	3.67	2.4	3.2	4.0	1.6
Aspartate	$\gamma$ -Carboxyl	Anionic	3.71	3.94	0.5	3.5	9.9	9.4
Glutamate	$\beta$ -Carboxyl	Anionic	4.15	4.25	2.1	4.1	7.2	5.1
Histidine	Imidazole	Cationic	6.04	6.54	2.5	6.6	9.2	6.7
N-terminal	Primary amine	Cationic	9.71	8.00	6.9	7.6	9.1	2.2
Cysteine	Sulfhydryl	Anionic	8.14	8.55	2.9	6.1	11.1	8.2
Tyrosine	Alcohol	Anionic	10.10	9.84	9.7	10.6	12.1	2.4
Lysine	Primary amine	Cationic	10.67	10.40	6.5	10.7	12.1	5.6
Arginine	Guanidine	Cationic	13.90*	$13.80^{*}$	b	_	-	

- 25-30% dos aminoácidos constituintes dos enzimas possuem cadeias laterais ionizáveis.
- Os  $pK_a$ 's dos grupos ionizáveis apresentam desvios em relação aos valores "ideais" que dependem do seu micro-ambiente estrutural na molécula do enzima.

#### Mecanismo simples de Michaelis-Menten para a dependência da actividade com o pH

$$E + A \Longrightarrow EA \Longrightarrow E + P$$

$$+ H^{+}$$

$$+ H^{+}$$

$$+ K_{E} \Longrightarrow Binding independente do pH
$$K_{E} \neq K_{EA} \Longrightarrow K_{A} = K_{A} \frac{K_{G}}{K_{EA}} \quad [E]_{a} = [E] + [HE]$$

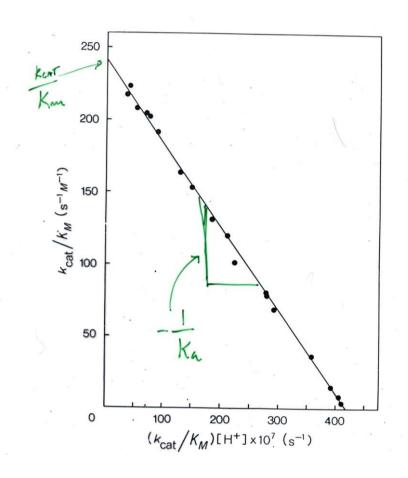
$$+ K_{E} \Longrightarrow K_{A} = K_{A} \frac{K_{G}}{K_{EA}} \quad [E]_{a} = [E] + [HE]$$

$$+ K_{E} \Longrightarrow K_{A} = K_{A} \Longrightarrow K_{A} = K_{A} \frac{K_{G}}{K_{GA}} \quad [E]_{a} = [E] + [HE]$$

$$+ K_{E} \Longrightarrow K_{A} \Longrightarrow K_{A} = K_{A} \Longrightarrow K_{A} = K_{A} \Longrightarrow K_{A} = K_{A} \times K_{GA} \quad [E]_{a} = [E]_{a} =$$$$

Este modelo assume que a resposta ácido-base do enzima é controlada por um único grupo.

# Determinação de $K_a$ no modelo simples de Michaelis-Menten



 $K_{\text{cat}}$  e  $K_{\text{m}}$  são determinados para diferentes valores de pH. (como ?)

Gráfico de  $k_{cat}/K_m$  versus  $(k_{cat}/K_m)[H^+]$  com declive  $-1/K_a$ 

O valor de  $K_a$  estimado correpondente à constante de dissociação do grupo ionizável no modelo simples de Michaelis-Menten.

		$pK_a$	
Substrate	$k_{\rm cat}/K_M$	$k_{\mathrm{cat}}$	Ref.
Acetyl-L-phenylalanine alaninamide <sup>a</sup>	6.80	6.6	1
Formyl-L-phenylalanine semicarbazide <sup>a</sup>	6.84	6.32	_1
Acetyl-L-tyrosine <i>p</i> -acetylanilide <sup>a</sup>	6.77		1
p-Nitrophenyl acetate <sup>a</sup>	6.85		2
Acetyl-L-phenylalanine ethyl ester <sup>a</sup>	6.8	6.85	3
Acetyl-L-tyrosine <i>p</i> -acetylanilide <sup>b</sup>	6.83		4
Acetyl-L-tryptophan <i>p</i> -nitrophenyl ester <sup>b</sup>	6.50	6.9	4

<sup>&</sup>lt;sup>a</sup>  $\alpha$ -Chymotrypsin, 25°C, ionic strength 0.1 M.

O valor de pH óptimo varia com o substrato.

<sup>&</sup>lt;sup>b</sup> δ-Chymotrypsin, 25°C, ionic strength 0.95 M.

<sup>1</sup> A. R. Fersht and M. Renard, *Biochemistry* 13, 1416 (1974).

<sup>2</sup> M. L. Bender, G. E. Clement, F. J. Kézdy, and H. d'A. Heck, J. Am. Chem. Soc. 86, 3680 (1964).

<sup>3</sup> B. R. Hammond and H. Gutfreund, Biochem. J. 61, 187 (1955).

<sup>4</sup> M. Renard and A. R. Fersht, *Biochemistry* **12**, 4713 (1973).

#### $pK_a$ 's de grupos ionizáveis

	$pK_a$		
$pK_a = -\log K_a$ Group	Model compounds (small peptides)	Usual range in proteins	
Amino acid α-CO <sub>2</sub> H	3.6		
Asp (CO <sub>2</sub> H)	4.0 }	2–5.5	
Glu (CO <sub>2</sub> H)	4.5 J	WE.	
His (imidazole)	6.4	5–8	
Amino acid α-NH <sub>2</sub>	7.8	~8	
Lys $(\epsilon - NH_2)$	10.4	~10	
Arg (guanidine)	~12	·	
Tyr (OH)	9.7	9–12	
Cys (SH)	9.1	8–11	
Phosphates	1.3, 6.5		

<sup>&</sup>lt;sup>a</sup> Data mainly from C. Tanford, Adv. Protein Chem. 17. 69 (1962); C. Tanford and R. Roxby, Biochemistry 11, 2192 (1972); Z. Shaked, R. P. Szajewski, and G. M. Whitesides, Biochemistry 19, 4156 (1980).

- 25-30% dos aminoácidos constituintes dos enzimas possuem cadeias laterais ionizáveis.
- Os  $pK_a$ 's dos grupos ionizáveis apresentam desvios em relação aos valores "ideais" que dependem do seu micro-ambiente estrutural no enzima.

#### Modelo de Michaelis (2 grupos)

$$\begin{array}{c|c}
EH_2 \\
K_b & HE + A \longrightarrow HEA \xrightarrow{K_2} EH + P \\
K_a & \downarrow \\
E & \downarrow \\$$

Assume-se que a forma mono-protonada (HE) é a única capaz de interagir com o substrato para formar o complexo enzima-substrato (EA).

$$K_{a} = \frac{[E] [H^{\dagger}]}{[HE]} \qquad K_{b} = \frac{[EH_{2}][H^{\dagger}]}{[EH_{2}]} \qquad K_{m} = \frac{[HE][A]}{[HEA]}$$

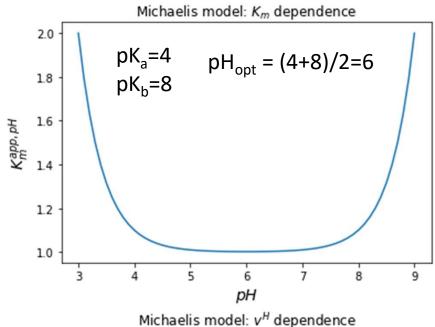
$$[E]_{o} = [E] + [EH] + [EH_{2}] + [EHA]$$

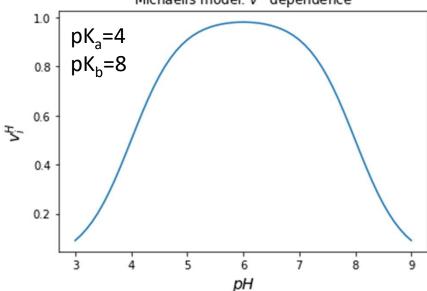
$$V_{H} = \frac{V_{max}[A]}{K_{m}(I + \frac{K_{a}}{[H^{\dagger}]} + \frac{[H^{\dagger}]}{K_{b}}) + [A]} \qquad K_{m}^{app} = K_{m}(I + \frac{K_{a}}{[H^{\dagger}]} + \frac{[H^{\dagger}]}{K_{b}})$$

$$K_m^{app,H} = Km \left( 1 + \frac{K_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K_b} \right)$$

Minimum: 
$$[H^+]_{opt} = \sqrt{K_a * K_b}$$
$$pH_{opt} = \frac{pK_a + pK_b}{2}$$

$$v_{i}^{H} = \frac{V_{\text{max}}[A]}{Km\left(1 + \frac{K_{a}}{[H^{+}]} + \frac{[H^{+}]}{K_{b}}\right) + [A]}$$





$$V_{H} = \frac{V_{max}[A]}{K_{m}\left(1 + \frac{K_{a}}{[H^{t}]} + \frac{[H^{t}]}{K_{b}}\right) + [A]} \quad K_{m}^{app} = K_{m}\left(1 + \frac{K_{a}}{[H^{t}]} + \frac{[H^{t}]}{K_{b}}\right)$$

SE Ka E KB ESTIVEREM SUFICIENTEMENTE ESPAÇADOS,

TEMOS & 
$$K_a \ll K_b \Rightarrow [H^+] \cap K_b \Rightarrow [H^+] \times K_a \otimes [H^+] \times K_b$$

[H^+] \times | K\_a \times | K\_a \times | K\_b \times | K\_b

$$V = \frac{V_{max} [A]}{K_{m} (1 + \frac{[H^{+}]}{K_{b}}) + [A]}$$
thors
$$V = \frac{V_{max} [A]}{V_{max} [A]}$$

#### Modelo de Waley

EH<sub>2</sub>

$$K_{b}$$
 $K_{b}$ 
 $K_{b}$ 
 $EH_{a}$ 
 $EH_{a}$ 

V= Vmax [A]  

$$V = \frac{V_{max}[A]}{[M^{+}]} + \frac{[M^{+}]}{[K_{b}]} + [A] \left(1 + \frac{K_{a}^{'}}{[M^{+}]} + \frac{[M^{+}]}{[K^{'}]}\right)$$

No modelo de Michaelis  $V_{\rm max}$  ( $k_{\rm cat}$ ) é independente do pH, mas essa limitação desaparece neste modelo, graças à existência de equilíbrios de protonação envolvendo o complexo enzima-substrato (constantes  $K'_{\rm b}$  e  $K'_{\rm a}$ ).

$$V_{\text{max}} = \frac{k_{-1} + k_{2}}{k_{1}}$$

$$V_{\text{max}} = V_{\text{max}} / \left(1 + \frac{k_{1}^{1}}{[H^{1}]} + \frac{[H^{1}]}{k_{6}^{1}}\right)$$

$$V_{\text{max}} = V_{\text{max}} / \left(1 + \frac{k_{1}^{1}}{[H^{1}]} + \frac{[H^{1}]}{k_{6}^{1}}\right)$$

$$V_{\text{max}} = V_{\text{max}} / \left(1 + \frac{k_{1}^{1}}{[H^{1}]} + \frac{[H^{1}]}{k_{6}^{1}}\right)$$

$$V_{\text{max}} = V_{\text{max}} / \left(1 + \frac{k_{1}^{1}}{[H^{1}]} + \frac{[H^{1}]}{k_{6}^{1}}\right)$$

$$V_{\text{max}} = V_{\text{max}} / \left(1 + \frac{k_{1}^{1}}{[H^{1}]} + \frac{[H^{1}]}{k_{6}^{1}}\right)$$

$$V_{\text{max}} = V_{\text{max}} / \left(1 + \frac{k_{1}^{1}}{[H^{1}]} + \frac{[H^{1}]}{k_{6}^{1}}\right)$$

$$V_{\text{max}} = V_{\text{max}} / \left(1 + \frac{k_{1}^{1}}{[H^{1}]} + \frac{[H^{1}]}{k_{6}^{1}}\right)$$

$$K_{m}^{app} = \frac{\left(1 + \frac{Ka}{[H^{\dagger}]} + \frac{[H^{\dagger}]}{K_{b}}\right) \times K_{m}}{\left(1 + \frac{Ka}{[H^{\dagger}]} + \frac{[H^{\dagger}]}{K_{b}}\right) \times K_{m}} \frac{V_{max}}{K_{m}^{app}} = \frac{V_{max}}{K_{m}} \left(1 + \frac{Ka}{[H^{\dagger}]} + \frac{[H^{\dagger}]}{K_{b}}\right)$$

QUANDO KONKA E K'DON K'A TEMOS

(1)
$$V = \frac{V_{\text{max}}[A]/(1+[H^{\dagger}]/K_b)}{K_{\text{m}}(\frac{1+[H^{\dagger}]/K_b}{1+[H^{\dagger}]/K_b})+[A]}$$

$$[H^{\dagger}] \rightarrow [NiBiDOR Misto]$$

$$V = \frac{V_{\text{max}}[A]/(1+K_a/[H^{\dagger}])}{K_{\text{m}}(\frac{1+K_a/[H^{\dagger}]}{1+K_a/[H^{\dagger}]})+[A]}$$

$$[OH^{-}] \rightarrow [NiBiDOR Misto] ([H^{\dagger}] = 10^{-14}/[OH^{\dagger}])$$

INIBIÇÃO NÃO COMPETITIVA

#### Análise de perfis de pH (1)

Considerando os parâmetros cinéticos do modelo de Waley:

$$V_{\max}^{app,pH} = \frac{V_{\max}}{1 + \frac{K'_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K'_b}} \qquad \left(\frac{V_{\max}}{K_m}\right)^{app,pH} = \frac{\frac{V_{\max}}{K_m}}{1 + \frac{K_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K_b}}$$

Se os valores de Ka e Kb estiverem suficiente separados, deverão existir valores de [H<sup>+</sup>] tais que  $K_b \gg [H^+] \gg K_a$ 

o que irá implicar: 
$$K_b \gg [H^+] \gg K_a \Rightarrow 1 + \frac{K_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K_b} \approx 1$$

Daqui conclui-se que, para esta gama de valores de [H<sup>+</sup>], deverão ser válidas as seguintes relações:

$$V_{\text{max}}^{app,pH} \approx V_{\text{max}}$$
  $\left(\frac{V_{\text{max}}}{K_m}\right)^{app,pH} \approx \frac{V_{\text{max}}}{K_m}$ 

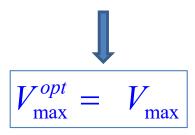
ou seja, deverá existir uma gama de valors de pH para a qual o efeito dos equilíbrios de ionização sobre os parâmetros cinétidos do enzima é neglegível, sendo os valor dos parâmetros aproximadamente constante.

# Análise de perfis de pH (2)

pK's suficientemente afastasdos podem ser estimados

a partir do perfile de pH!

Zona "plana" do perfil de pH



$$V_{\text{max}}^{app,pH} = \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{K'_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K'_b}}$$



$$V_{\text{max}}^{app,pH} \approx \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{[H^+]}{K_b'}}$$

$$pH = pK_b'$$



$$V_{\text{max}}^{app,pH} \approx \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{[H^+]}{K_b'}} \qquad V_{\text{max}}^{app,pH} \approx \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{K_a'}{[H^+]}}$$

$$pH = pK'_a$$

Stimados Modelo de Waley: variação de 
$$V_{max}$$
 com o  $pH$ 

1.0

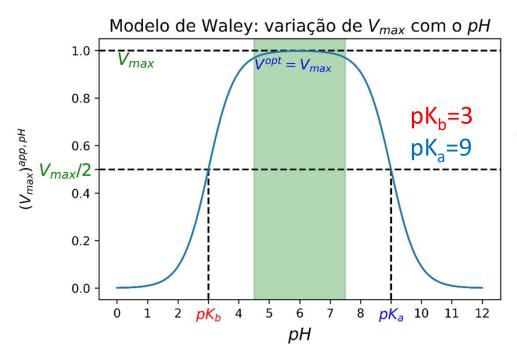
 $0.8$ 
 $0.6$ 
 $0.6$ 
 $0.2$ 
 $0.0$ 
 $0.2$ 
 $0.0$ 
 $0.2$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 
 $0.0$ 

$$pH = pK'_a$$
 2  $V_{\text{max}}^{app,pH} = \frac{V_{\text{max}}}{2} \Rightarrow \frac{V_{\text{max}}}{2} = \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{K'_a}{\lceil H^+ \rceil}} \Rightarrow [H^+] = K'_a$ 

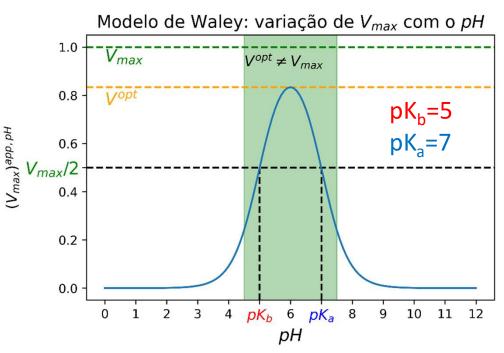
# Análise de perfis de pH (3)

A estimative de pK's só é possível se os pK's estiverem bem separados, com a existência de uma zona em V<sup>opt</sup>=V<sub>max</sub>.

Para pK's próximos, o perfil já não permite este processo.

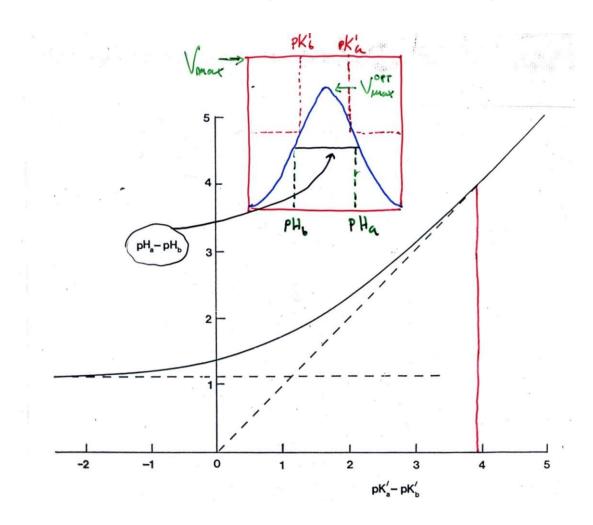


pK's bem separados,  $V^{opt}$  atinge  $V_{max}$ , pK's podem ser estimados a partir do valor  $V_{max}/2$ 



pK's próximos,  $V^{opt}$  é inferior a  $V_{max}$ , pK's não podem ser estimados a partir do valor  $V_{max}/2$ 

#### Análise de perfis de pH (4)



- Quando  $V_{\text{max}}^{\text{opt}} \neq V_{\text{max}}$  não é possível estimar p $K_{\text{a}}^{'}$  e p $K_{\text{b}}^{'}$  a partir de  $V_{\text{max}}$  / 2.
- O gráfico de abertura do perfile a  $1/2 \ V^{\text{opt}}$  indica que deve ter-se  $pK_b' pK_a' > 3.5$  para que os pK's possam ser estimados de modo fiável.

#### Gráficos de Dixon (1)

$$\sqrt{\frac{PP}{max}} = \frac{\sqrt{\frac{PP}{max}}}{\sqrt{\frac{EH^{\dagger}J}{K'b}}}, \sqrt{\frac{PP}{max}} = \frac{\sqrt{\frac{Vmax}{Max}}}{\sqrt{\frac{K'b}{L}}}$$
 Válido APENAS quando os pK's estão bem separados

# Gráficos de Dixon (2)

# Gráficos de Dixon (3)

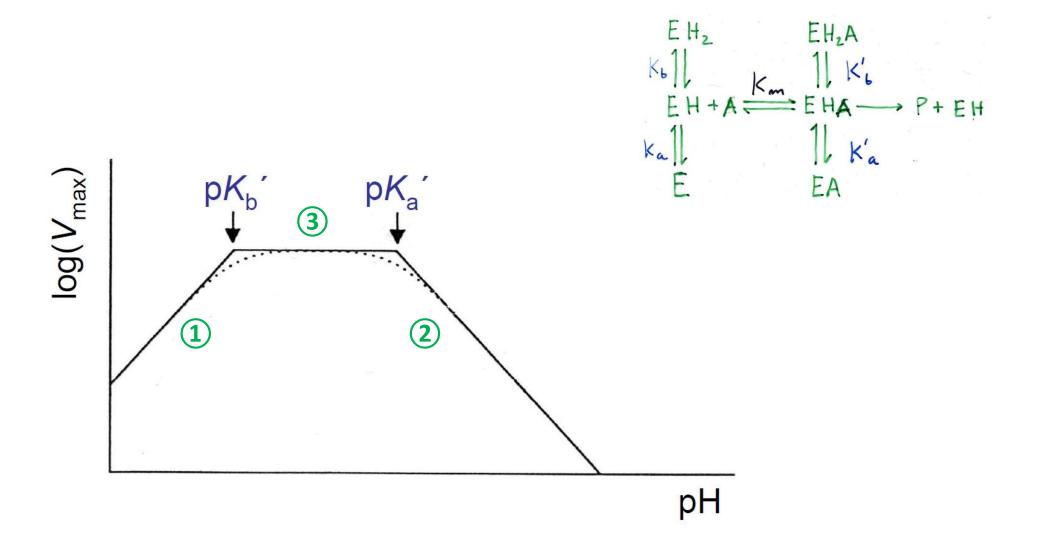
Intersecção das rectas 1 e 3:

$$\begin{cases} \log V_{\max}^{app,pH} = \log V_{\max} + pH - pK_b' \\ \log V_{\max}^{app,pH} = \log V_{\max} \end{cases} \Rightarrow \log V_{\max} = \log V_{\max} + pH - pK_b' \Rightarrow pH = pK_b'$$

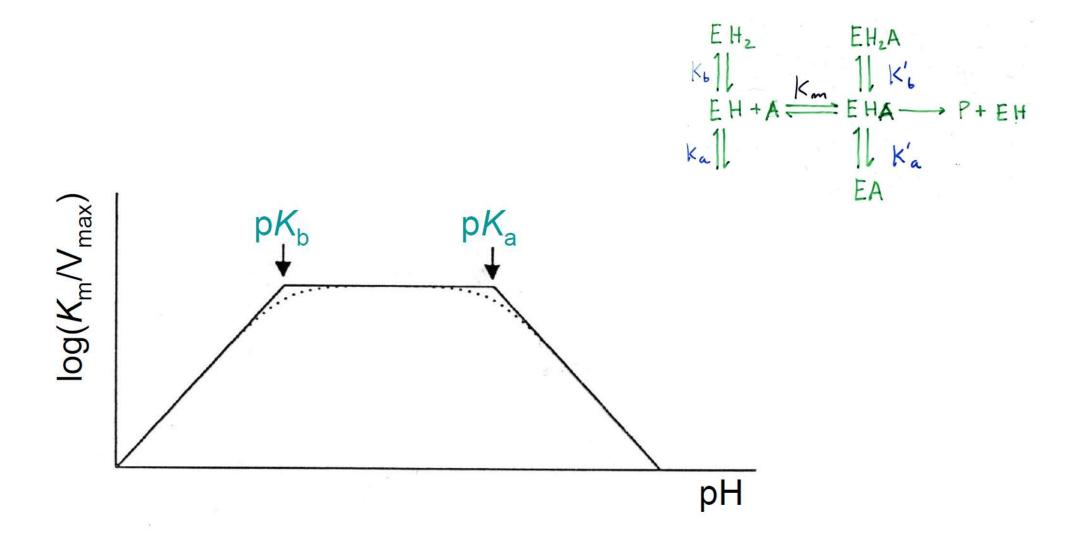
Intersecção das rectas 2 e 3:

$$\begin{cases} \log V_{\max}^{app,pH} = \log V_{\max} + pH - pK_a' \\ \log V_{\max}^{app,pH} = \log V_{\max} \end{cases} \Rightarrow \log V_{\max} = \log V_{\max} + pH - pK_a' \Rightarrow pH = pK_a'$$

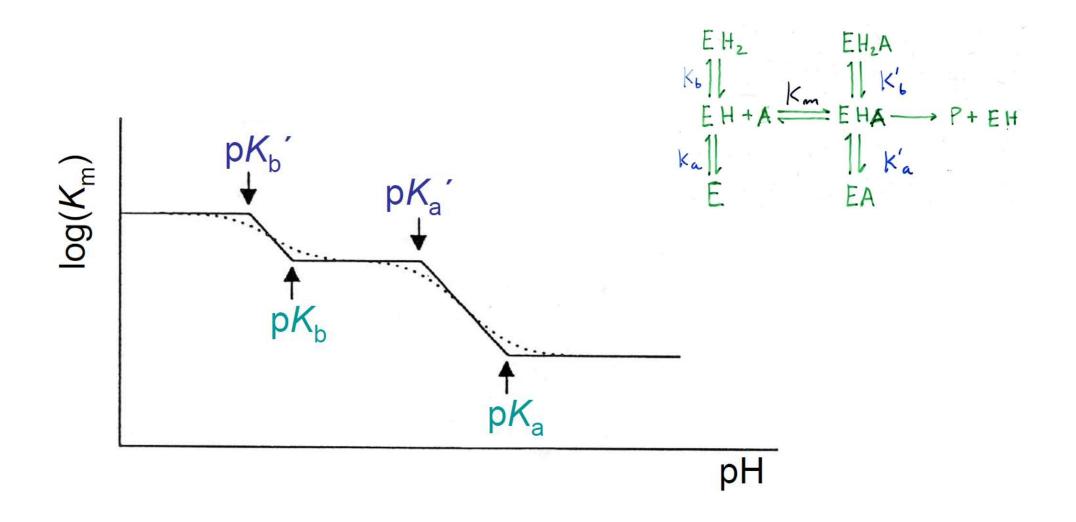
#### Gráficos de Dixon (4)



#### Gráficos de Dixon (5)



#### Gráficos de Dixon (6)



#### Método de Alberty e Massey

$$V_{\text{max}}^{app} = \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{K'_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K'_b}}$$

$$V_{\text{max}}^{app} = \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{K'_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K'_b}} \qquad \left(\frac{dV_{\text{max}}^{app,pH}}{d[H^+]}\right)_{[H^+] = [H^+]_{opt}} = 0 \implies [H^+]_{opt} = \sqrt{K'_a K'_b}$$

$$pH_{opt} = -\log_{10}[H^+]_{opt}$$

$$V_{\text{max}}^{opt} = \frac{V_{\text{max}}}{1 + 2\sqrt{\frac{K_a'}{K_b'}}}$$

$$[H^+] \in \{[H^+]_a, [H^+]_b\} \Rightarrow V_{\text{max}}^{app} / V_{\text{max}}^{opt} = 1/2$$

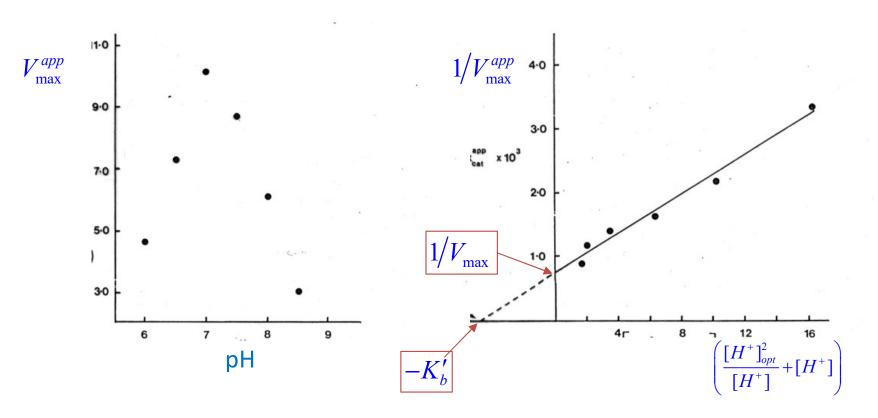
$$\frac{V_{\text{max}}^{app}}{V_{\text{max}}^{opt}} = \frac{1}{2} = \frac{1 + 2\sqrt{K'_a K'_b}}{1 + K'_a / [H^+] + [H^+] / K'_b} \implies \begin{cases} K'_b = [H^+]_a + [H^+]_b + 4[H^+]_{opt}^2 \\ K'_a = [H^+]_{opt}^2 / K'_b \end{cases}$$

K'<sub>a</sub> e K'<sub>b</sub> podem ser estimados a partir de [H<sup>+</sup>]<sub>a</sub> e [H<sup>+</sup>]<sub>b</sub> e de [H<sup>+</sup>]<sub>opt</sub>

#### Método de Friedenwald

$$V_{\text{max}}^{app} = \frac{V_{\text{max}}}{1 + \frac{K'_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K'_b}} \implies \frac{1}{V_{\text{max}}^{app}} = \frac{1 + \frac{K'_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K'_b}}{V_{\text{max}}} = \frac{1}{V_{\text{max}}} + \frac{1}{V_{\text{max}}} \left(\frac{K'_a}{[H^+]} + \frac{[H^+]}{K'_b}\right)$$

$$\frac{1}{V_{\max}^{app}} = \frac{1}{V_{\max}} + \frac{1}{V_{\max}K_b'} \left( \frac{[H^+]_{opt}^2}{[H^+]} + [H^+] \right) \quad \text{abcissa na origem: -K'_b} \quad \text{ordenada na origem: V}_{\max}$$



### Análise de perfis de pH (1)

$$V_{max}^{app} = \frac{V_{max}}{1 + \frac{K_a'}{[H^t]} + \frac{[H^t]}{K_b'}} \qquad \frac{V_{max}^{app}}{V_{max}^{app}} = \frac{V_{max}^{app}}{1 + \frac{K_a}{[H^t]} + \frac{[H^t]}{K_b}}$$

SE Ka E KL ESTÃO SUFICIENTEMENTE SEPARADOS

TEM-SE 
$$K_{6} \gg K_{a}$$
 $n: |K_{6} \gg N \gg K_{a} \Rightarrow 1 + \frac{K_{a}^{\prime}}{n} + \frac{N^{\prime\prime}}{K_{6}^{\prime}} \approx 1$ 

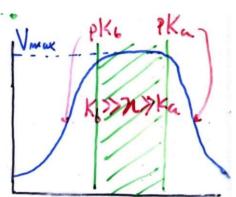
[H+] =  $n \Rightarrow 20$  Mar Plana po PERFILE  $V_{max}$ 

Quando os valores de  $pK_a$  e  $pK_b$  estão bem separados, o valor máximo de  $V_{\text{max}}^{\text{app}}$  é numericamente igual ao valor de  $V_{\text{max}}$ (independente do pH) e os valor de p $K_a$  e  $pK_h$  podem ser estimados facilmente.

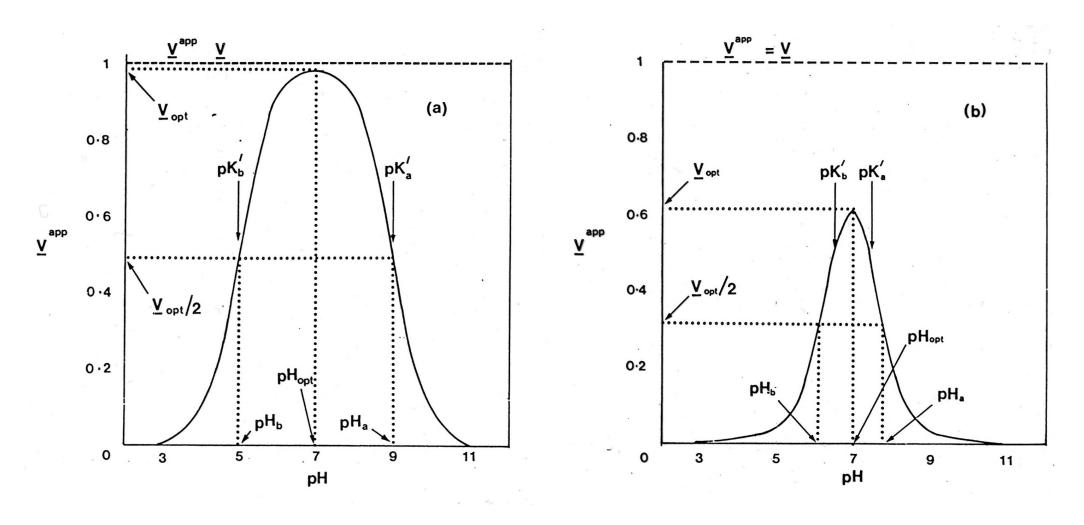
# Análise de perfis de pH (2)

PH baixo:

of alto:



## Análise de perfis de pH (3)



pK's bem separados

pK's próximos