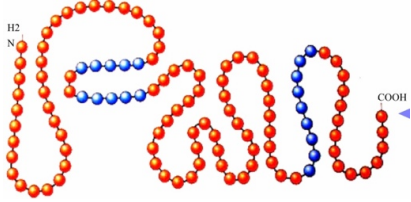
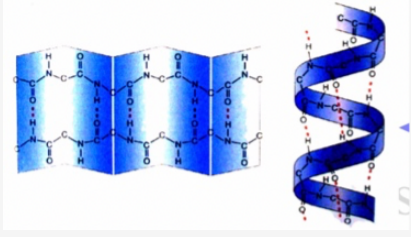
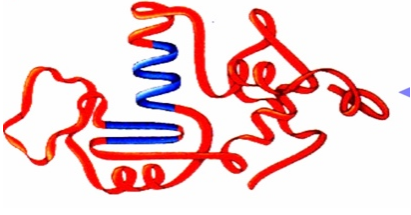



LES PROTEINES

Salut a touuuuus c'est Marianémie, encore une fois je vous refais une fiche mais cette fois-ci sur les protéines et AA. C'est une leçon très longue avec beaucoup de détails à apprendre (des fois elle est un peu relou j'avoue), cette fiche reprends donc toutes les informations importantes où j'ai pu apporter des petites explications et je vais tenter de glisser quelques moyens memo! J'espère qu'elle sera agréable à lire :)

I. Les structures protéiques.

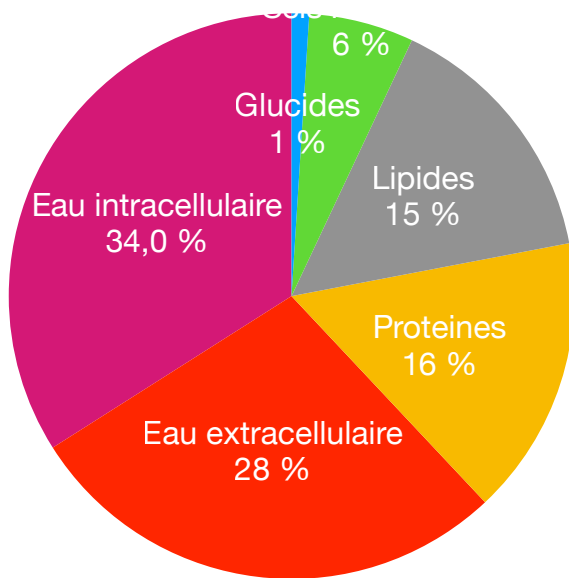
Les protéines sont un **enchaînement d'AA** qui ont différentes structures:

<p>Structure primaire</p>	<p>Alignement d'AA les uns après les autres.</p>	
<p>Structure secondaire</p>	<p>Repliement dans l'espace de la structure primaire avec des hélices alpha et feuillets beta. Protéine non encore fonctionnelle à ce stade.</p>	
<p>Structure tertiaire</p>	<p>Protéine en conformation tridimensionnelle dans l'espace. La protéine ici devient fonctionnelle et donc active!</p>	
<p>Structure quaternaire</p>	<p>Molécule active formée de plusieurs sous-unités (en gros c'est plusieurs protéines qui s'assemblent avec l'Ex de l'insuline avec ses 4 sous unités). <u>Ne concerne pas toutes les protéines.</u></p>	

II. Les fonctions protéiques.

Fonction structurale (qui structure une partie del curepo)	Fonction métabolique
<p>Collagène (retrouvé chez les vertébrés dans les tendons, os et peau #Histo)</p> <p>Keratine (ongles, cheveux)</p>	<p>Transport (hémoglobine avec l'oxygene) + Défense (anticorps) + Catalyse (enzyme) + Régulation</p> <p>memo: La metabo C DETER</p>

III. Composition du corps humain.



LES ACIDES AMINES

Les **protéines** sont constituées d'AA= polymères d'AA, liés chacun grâce à des liaisons covalentes/peptidiques.

☀ Chez l'Homme il existe **20 AA classiques** + le **21 ème rare**: Sélénocysteine. ☀

POUR LE CC RETENIR QU'IL Y A 20 AA CODES PAR LE GENOME

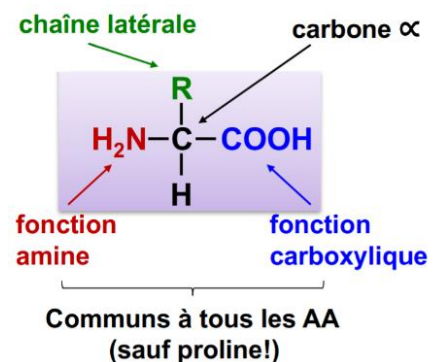
I. LES FONCTIONS:

- > Constitution des **protéines, peptides et phospholipides**
- > **Précurseurs de molécule non protéique** : glucose, **alpha** céto-acide, nucléotide, **hème, créatine**. (memo: **Alpha N'hème** pas la **CREATION** de **GLUe**).
- > **neurotransmetteurs** (glutamate, aspartate)
- > **transport de l'azote**
- > implication dans le **métabolisme énergétique**.

II. CARTE D'IDENTITE DES AA:

🦉 La masse moléculaire d'un AA: 110 Dalton.

🦉 Ils possèdent une structure commune (SAUF PROLINE qui a une structure cyclique) et une chaîne latérale spécifique a chacun des AA:



- 1 groupement carboxyle: **COOH**
- 1 groupemen amine primaire: **NH₃⁺/NH₂** (sauf proline)
- Un Hydrogene **H**
- Une **chaîne laterale (R)** qui sera different d'un AA à l'autre.

Et donc ces 4 **groupements** sont reliés par un **carbone (C) qui est un carbone asymétrique= alpha** pour tous les AA **cad** que le **carbone est relié a 4 groupements différents** (SAUF la glycine dont le groupement R est un H).



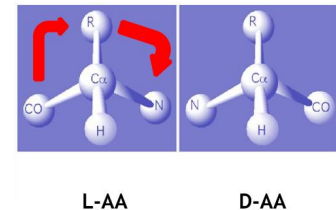
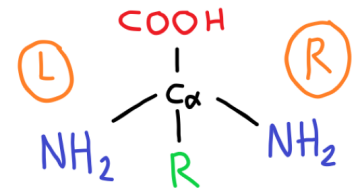
Configuration des AA:

il peut exister sous **2 formes: Enantiomeres ou stereo-isomeres de configuration** (=deux configurations différentes d'une même molécule, elles sont images l'une de l'autre dans un miroir plan et non superposables)

->on dit sous forme **L ou D.**

Et du coup comment on fait la diff Michel entre L ou D?

- **1ere methode:** pour savoir si c'est en D ou en L: il faut faire la **projection Fischer** en mettant le **groupement carboxylate (COO-)** vers le haut, et le **R** vers le bas, si le **groupement amine (NH₃)** est à **GAUCHE** on parle d'**AA L (L comme Left)** tandis que s'il est à **DROITE** on parle d'**AA D (D comme Droite)**.
- **2e methode:** en regardant le C alpha depuis l'atome d'hydrogène, si on lit « CORN » **LICORNE** dans le sens des aiguilles d'une montre → **AA L** sinon **AA D**.



ATTENTION: Les AA de la **serie L sont majoritaire** et ceux de la série **D sont rares** dans la nature (ils sont issus de **modif post traductionnelles**, donc **non codés par le génome**, ils sont **JAMAIS** inclus dans la **structure primaire** des protéines **mais peuvent être inclus dans des peptides**.)

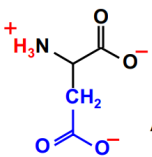
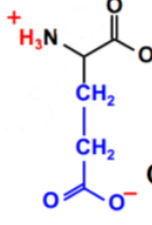
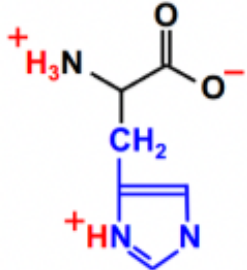
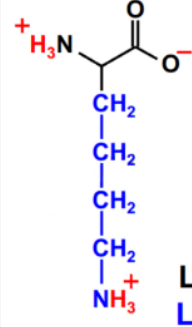
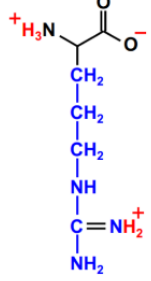


III. Classifications des AA:

Le **groupement R** va donner la **diversité** et le **rôle** des différents AA, le **NH₂** et le **COOH** sont très important car ils **peuvent être ionisés** et avoir une **charge +** ou une **charge -**. **NH₂** peut capter un proton -> **NH₃⁺** et **COOH** peut en perdre -> **COO-**.

Nous, pour la classification, on va s'intéresser à la chaîne latérale (car spé on le rappelle a chaque AA) est donc on obtient **3 familles:**

- **5 AA polaire chargé : 2AA - et 3 AA +.**
 - **6 AA polaire non chargé.**
 - **9 AA non polaire non chargé.**
- } **polaire= hydrophile= aime l'eau** donc AA en contact avec l'eau disposition à l'extérieur de la protéine.
- } **Apolaire=Hydrophobe**, donc évite l'eau et dispo à l'intérieur de la protéine.

AA polaire et chargé			
<p>ACIDE (Cede un H+) CHARGE NEGATIVEMENT</p>	<p>Aspartate=Asp=D</p>  <p style="text-align: right;">Aspartate Asp - D</p> <p>R -> fonction acide carboxylique</p>	<p>Glutamate=Glu=E</p>  <p style="text-align: right;">Glutamate Glu - E</p> <p>R-> Fonction acide carboxylique</p>	
<p>BASIQUE (accepte un H+) CHARGE POSITIVEMENT</p>	<p>Histidine=His=H</p>  <p style="text-align: right;">Histidine His - H (Imidazole)</p> <p>R-> fonction amine</p>	<p>Lysine=Lys=K</p>  <p style="text-align: right;">Lysine Lys - K</p> <p>R-> fonction amine</p>	<p>Arginine=Arg=R</p>  <p style="text-align: right;">Arginine Arg- R</p> <p>R-> fonction amine</p>



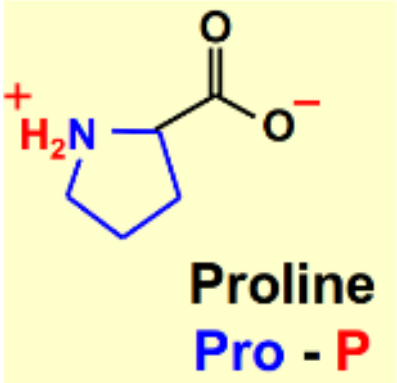
Les AA polaires et chargés : Ils se comportent comme des **acides ou des bases faibles** et ils ont **soit** une **charge complète +** **soit** une **charge complète -** permettant la formation de liaisons ioniques.

Et ceux non chargé ont une **charge partielle** permettant la formation de liaisons hydrogènes.

AA polaire non chargé		
<p>Serine=Ser=S</p> <p>Sérine Ser - S</p> <p>R-> fonction alcool peut être phosphoryé par une kinase(=enzyme)</p>	<p>Tyrosine=tyr=Y</p> <p>Tyrosine Tyr - Y</p> <p>(Phénol/aromatique)</p> <p>R-> fonction alcool+phénol peut être phosphoryé par une kinase(=enzyme)</p>	<p>Threonine=Thr=T</p> <p>Thréonine Thr - T</p> <p>R-> fonction alcool peut être phosphoryé par une kinase(=enzyme)</p>
<p>Asparagine=Asn=N</p> <p>Asparagine Asn - N</p> <p>R-> fonction amide</p>	<p>Glutamine=Gln=Q</p> <p>Glutamine Gln - Q</p> <p>R-> fonction amide</p>	<p>Cysteine=Cys=C</p> <p>Cystéine Cys - C</p> <p>R-> fonction souffre/ thiol ***</p>

*** 2 cystéines peuvent se lier par leurs soufres respectifs, formant un **pont disulfure inter -chaîne** (entre 2 protéines) **ou intra-chaîne** (au sein d'une même protéine) : **c'est une liaison covalente ++**
→ rôle dans la conformation III ou II/fonction des protéines. (on revoit ça après)

La selenocysteine: AA **rare** incorporé dans **20/25 prot** chez l'Homme et **ressemble** à la **cystéine** (selenium a la place du soufre) **MAIS provient** de la **serine**. (Cet AA existe suite à la reprogrammation d'un codon stop).

AA Apolaire		
Glycine=Gly=G chaîne aliphatique	Alanine=Ala=A chaîne aliphatique	Valine=Val=V chaîne aliphatique
Leucine=Leu=L chaîne aliphatique	Isoleucine=Ile=I chaîne aliphatique	Méthionine=Met=M chaîne aliphatique
Proline=Pro=P  groupement R cyclique	Phénylalanine=Phe=F chaîne aromatique	Tryptophane=Trp=W chaîne aromatique

Memo: Val et Proline Meth (mettent) Isoleucine Ala (à la) Phete (fête) de Trystan (tryptophane) leu (le) Glyseur (glisseur). (*I know ça a pas bcp de sens mais j'ai appris comme ça*).

IV. Les AA essentiels.

Il sont **apportés par l'alimentation** car non synthétisé par l'Homme à cause d'un **défaut enzymatique**. Chez l'adulte il y en a **8** et **+2** chez l'enfant: **Arginine et Histidine**.

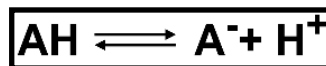
Leucine	Aide :
Thréonine	Le
Lysine	Très
Tryptophane	Lyrique
Phénylalanine	Tristan
Valine	Fait
Méthionine	Vachement
Isoleucine	Méditer
	Iseult



LES PROPRIETES ACIDO-BASIQUE DES AA:



Les AA sont **amphotères=ampholytes** car ils se comportent comme des **bases** ou comme des **acides faibles** cad ils ne se **dissocient jamais complètement** et ils vont tendre à un équilibre lors de la **réaction**:



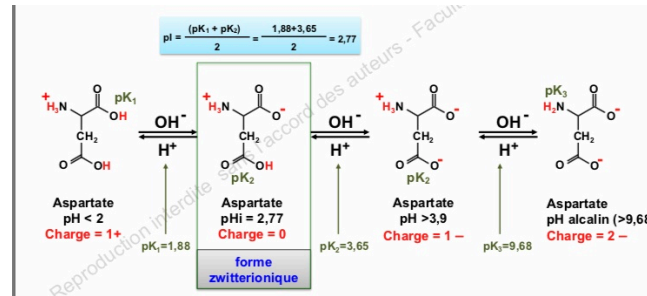
$$K_a = \frac{[A^-][H^+]}{[AH]}$$

$$pH = pKa + \log \frac{[A^-]}{[AH]}$$

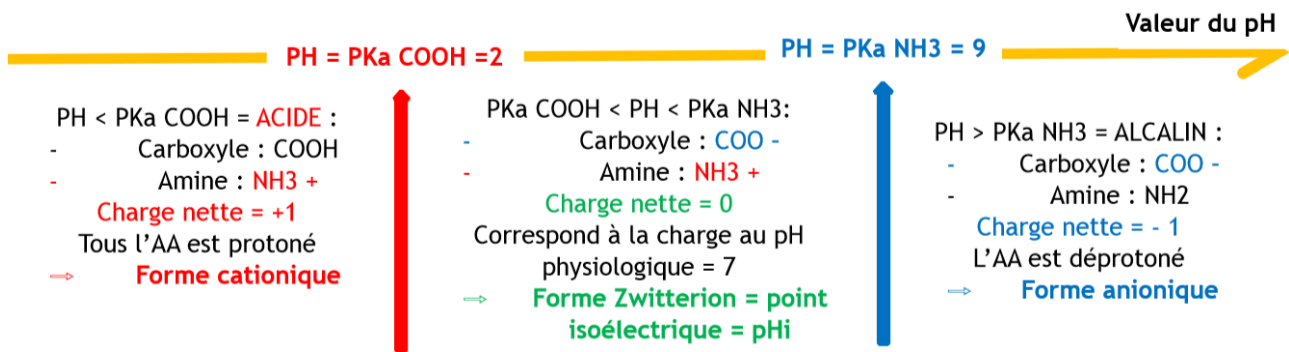
$$pI = \frac{(pK_1 + pK_2)}{2}$$

A partir de la constante d'ionisation on définit **l'équation d'Henderson Hasselbach**

- **Le pKa:** valeur du pH pour laquelle 50% du groupement est ionisé et 50% est non ionisé.
- **pHi = point isoélectrique :** valeur du pH pour laquelle la molécule n'a aucune charge électrique nette (charge nette=0 prédomine et charge nette = -1 et 1 sont égale) -> on parle de la **forme Zwitterionique.**



APPLICATION:

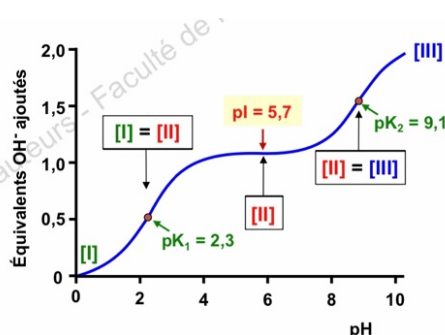


Je vous remets le tableau de la fiche de 2018/2019 car je sais que j'avais mieux compris avec celle-ci. Ici on a: pka(COOH)= 2 et le pka(NH3)= 9 et lorsque PH<Pka le groupement (COOH ou NH3) se trouve sous forme protoné.

Par ex: a PH=5 ici le PH>Pka (COOH) donc on se trouve sous la forme déprotoné (COO-) mais le PH<Pka (NH3) donc on retrouve ici sa forme protoné (NH3).

2e ex de L'aspartate: C'est un AA avec 2 groupements COOH, il possède donc une fonction en plus qui est ionisable. À un pH en dessous du pKi du premier COOH vous avez une charge positive. Si vous ajoutez une base, le pH augmente au-dessus du pKi de COOH et il perd un proton, vous atteignez donc la forme **zwitterionique**. En ajoutant encore des bases vous atteignez la forme finale qui possède 2 charges négatives.

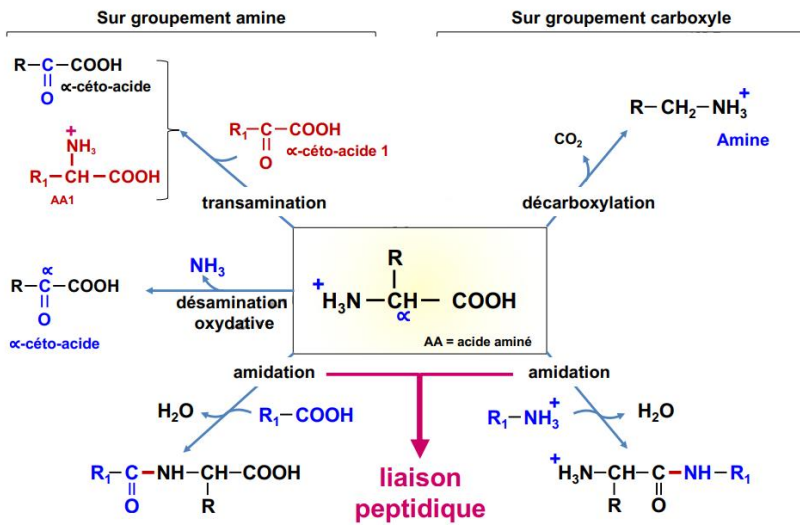
Représentation graphique:



$pHi = (2,3 + 9,1) / 2 = 5,7$

les pKa sont les **points d'inflexion** de la courbe et le pHi le **plateau**.

V. Principales réactions des AA:



Coin definitions:

+**transamination:** l'AA va céder son groupement NH_2 à un alpha cétoacide, donc l'AA deviendra un alpha cétoacide tandis que l'alpha cétoacide deviendra un AA.

+**Désamination oxydative:** un AA perd son groupement NH_2 sans le donner, donc l'AA devient un alpha cétoacide.

+**Décarboxylation:** l'AA perd le groupement carboxyle, et devient une amine

+**L'Amidation:** formation d'une liaison peptidique entre l'amine d'un AA et le carboxyle d'un autre AA



J'ai un espace vide ici du coup je le comble comme je peux



VI. Les AA non codés par le génome:

En plus des 20 AA classiques codés par le génome, **il ya environ 300 AA supplémentaires NON codés par le génome** retrouvé dans les cellules avec un rôle important. Ils **peuvent être inclus (ou non)** dans une protéine. Ils peuvent **participer à la structure de la protéine** (structure tridimensionnelle) **ou non**.

Ces AA non codés par le génome **sont issus**:

- **soit d'une modification post-traductionnelle** (=AA inclus dans la protéine après la mise en place de la structure I)
- **soit issus de dérivés d'AA** (=AA non inclus dans la protéine qui ne vont participer qu'au cycle de l'urée et à la biosynthèse de l'arginine)

Modif post traductionnelles	
Hydroxylation (ajout d'un OH)	Proline -> 4-hydroxyproline Lysine -> 5-Hydroxylysine La forme hydroxylée est retrouvée dans le collagène .
Carboxylation (ajout d'un COOH)	Glutamate -> γ -carboxyglutamate qui est très présente dans: <ul style="list-style-type: none"> - la matrice osseuse (permet de capter la Ca^{2+}) - les facteurs de coagulation -> La vitamine K permet d'activer les facteurs de coagulation pour stopper un saignement mais peut former des caillots dans certains cas. Dans ce cas là, on utilise de la Warfarine (inhibiteur de la vitamine K) bloquant la carboxylation du glutamate et ainsi permet de fluidifier le sang.
Phosphorylation (ajout d'un phosphate par les kinases)	Concerne 3 AA: Serine, threonine et tyrosine .
Acétylation	L'acétylation de la lysine est super importante pour les histones .
Dérivés d'AA	Synthèse d'hormones thyroïdiennes fabriquées à partir de la thyroglobuline (grosse molécule dimérique de 660kDa composée de 120 résidus tyrosines). La tyrosine se trouve dans la thyroglobuline, elle va être iodée : <ul style="list-style-type: none"> • En position 3 : formation d'un MIT (=Mono-IodoTyrosine 3) • En position 3 et 5 : formation d'un DIT (=Di-IodoTyrosine). Ensuite des enzymes vont la protéolyser pour libérer des hormones: <ul style="list-style-type: none"> • - T₃ (triiodotyrosine) = 1 MIT et 1 DIT • - T₄ (thyroxine) = 2 DIT

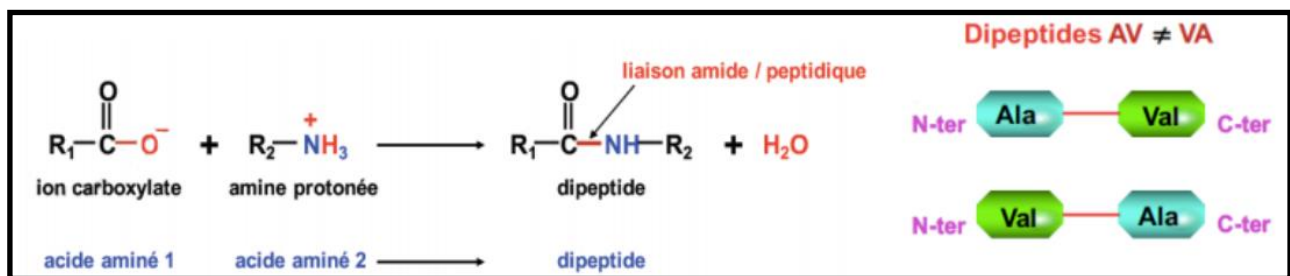
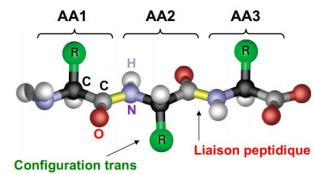
Dérivés d'AA non inclus dans les protéine.	
Ornithine et citrulline	En gros l' Ornithine récupère une molécule d' urée de la L-Arginine et devient la L-Ornithine par le biais d'une enzyme: l' arginase . Et la L-Ornithine donne sa molécule d' urée à la Citrulline qui devient la L-Citrulline etc etc (<i>vous reverrez ça dans le cours sur le cycle de l'urée tranquillo</i>). Il faut retenir ici que ces deux AA sont super important pour le cycle de l'urée et permet la synthèse de l'arginine.
Décarboxylation de l'Histidine	Quand l' histidine est décarboxylé (perte d'un CO ₂) cela donne lieu à l' histamine lors de réactions inflammatoires et allergiques.

La formation des protéines à partir des acides aminés

A) Liaisons peptidiques.

La **condensation de 2 acides aminés** conduit à la formation d'un **dipeptide** en formant une **liaison peptidique**.

- Condensation du **COOH** d'un AA₁ et d'un **NH₂** d'un AA₂.
- libération d'une **molécule d'eau**.



La lecture et l'écriture du peptide s'effectue toujours à **partir de l'extrémité N-terminale** vers l'extrémité **C-terminale**.

Ala-Val ≠ Val-Ala car ils sont isomères de structure et possèdent des propriétés différentes.

La **liaison** s'effectue entre le **groupement acide [-COOH]** d'un acide aminé et le **groupement amine [-NH₂]** d'un autre acide aminé.

Ala est appelé acide aminé N-terminal → son groupement amine n'a pas été modifiée.

Val est appelé acide aminé C-terminal → son groupement carboxylate n'a pas été modifié.

Un polypeptide = entre 10 et 50 AA, au-delà c'est une protéine.

B) Contraintes dans l'espace.

TOUT les AA sont en configuration **TRANS** (=les groupements latéraux R ne sont pas du même côté) **sauf** la **proline** qui est en configuration **CIS**.



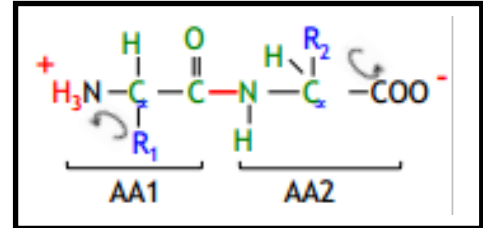
La longueur de la liaison peptidique: $1,32 \text{ \AA}$.



Rotations sont possibles pour les liaisons: N-C et C-C.



Rotations sont impossibles pour la liaison: C-N.



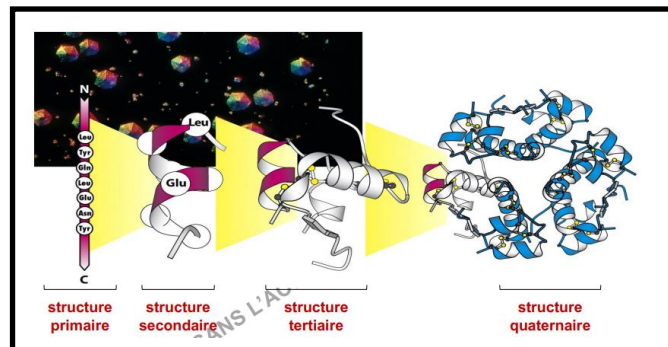
Les groupements **-C=O** et **-NH** ne sont **pas chargés** mais sont **polaires**.



Les groupements chargés sont: N-ter + C-ter + groupements ionisés des chaînes latérales des AA.

La diversité des protéines repose sur des enchainements réalisés à partir de 20 acides aminés.

C) Les niveaux structurels.



I. Structure Primaire:

DEF: La structure primaire correspond à l'ordre dans lequel les AA sont reliés entre eux par des liaisons peptidiques identiques.

Ex : Angiotensine II humaine, impliquée dans la régulation de la pression artérielle.

Tout autre agencement des acides aminés de ce peptide entraîne une perte d'activité biologique ♥.

Elle est :

- linéaire
- ordonnée et dépend du code génétique
- constituée d'une succession d'acides aminés unis par liaison peptidique. Par convention elle est écrite de l'extrémité N terminale vers l'extrémité C-terminale
- non fonctionnel et NON thermodynamiquement favorable.



La structure primaire **détermine la structure finale et la fonction de la protéine.** (si disposition différente des AA alors la protéine **n'aura plus la même fonction**).



Le tutorat est gratuit. Toute vente ou reproduction est interdite.

La séquence de l'enchaînement des acides aminés est unique pour chaque protéine.

La structure primaire peut donner des indications sur les structures secondaires et tertiaires MAIS ne permet PAS de définir la structure tridimensionnelle de la protéine.



C'est la pause café :)



La nature des acides aminés va déterminer la structure secondaire:
Les acides aminés **polaires (hydrophile)** seront à **l'extérieur** tandis que les **apolaires (hydrophobe)** sont à **l'intérieur** de la protéine.

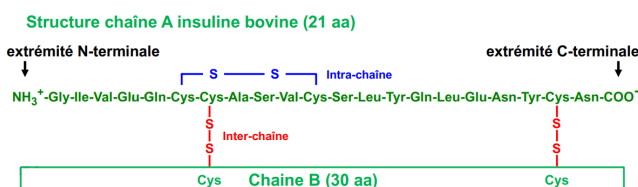
Exemple de peptides:

- **dipeptide: l'Aspartame:** acide aspartique + phenylalanine.
- **Tripeptide: Glutathion:** glutamate + cysteine+ glycine.
- **Octapeptide: Angiotensine II** (régulation de la pression artérielle chez l'homme).
- **Polypeptide:** (rappel: 10 à 50 AA) **l'insuline**.

L'Insuline formée de **deux chaînes unies par deux ponts disulfures**

-> Chaîne A: **21 AA** + Chaîne B: **30 AA**. C'est la seule hormone **hypoglycémiante** de l'organisme.

les protéines sont catabolisé par des **enzymes protéolytiques** qui coupent:



- à l'intérieur : **Endoprotéases:** **Trypsine** (coupe en C-ter de la **lysine** et **arginine**) + **Chymotrypsine** (coupe en C-Ter des **Phe**, **tyr** et **Trp**).

- à l'extérieure: **Exoprotéases:** **AmiNopeptidase** (coupe en **N-Ter**) + **Carboxypeptidase** (coupe en **C-Ter**).

La **Proline réduit** ou **empêche** l'action d'une enzyme lorsqu'elle se trouve en **aval** de l'AA que l'on veut couper. Il existe des **peptidase dites « pro-spécifique »** capable de couper malgré la **présence d'une Proline** ! Et la proline en amont gêne moins en général.

ATT: Les **endoprotéases (=sérine protéases** ont une sérine sur leur site actif mais **NE COUPENT PAS** au niveau des serines).

2. La structure Secondaire.

La structure secondaire résulte de (avec l'aide ou non de protéines chaperonnes):

- **l'organisation dans l'espace de la séquence d'AA de la structure primaire** dans le cytosol de la cellule.
- **De l'interaction entre les AA.**



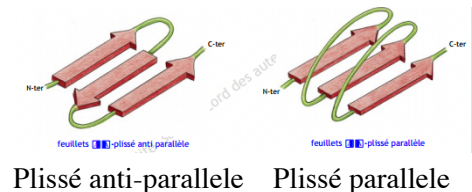
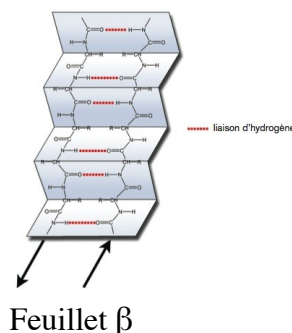
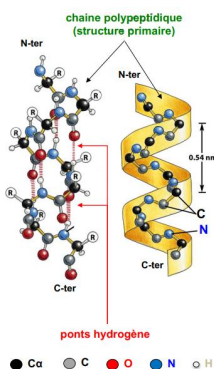
Elle permet d'obtenir: une structure **non linéaire** + **thermodynamiquement stable** + **des motifs de structure répétitifs** (feuillets alpha et beta).

Dans une protéine on retrouve plusieurs motifs à la fois mélangés : **Hélice α + Feuillet β + Coude β** pour passer d'un motif à l'autre.

1. Hélice α :

Structure hélicoïdale
chaines latérales R tournées vers l'extérieur pour un moindre encombrement stérique .
Présence de ponts hydrogènes stabilisant la Structure hélicoïdale : - Liaison entre le H du NH3 d'un AA 1 et l' O du COOH d'un AA 2 - situé à quatre acides aminés en aval dans la structure primaire. - parallèles l'axe de l'α-hélice
1 tour d'hélice = 3,6 AA.
Dans le sens des aiguilles d'une montre-> le Pas à droite de Nter en Cter
Déstabilisée par: proline (a cause de sa configuration en CIS.) + Glu, Asp, His, Lys, Arg (à cause de leur tendance à former des liaisons ioniques et électrostatiques).

Hélice α:



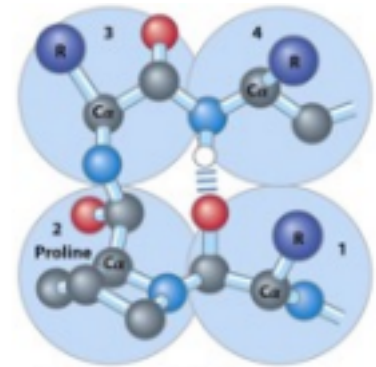
2. Le feuillet Beta

Plus allongé, plissé que l'hélice.
chaîne peptidique qui s'alignent côte à côte pour former une structure en zigzag .
Stabilisé par: des liaisons hydrogènes (sauf que ici il n'y a pas de nombre particulier d'AA pour la liaison. (à la diff de l'hélice où il ya 3,6 AA)).
Les chaînes latérales R sont projetés en dessous et au dessus du plan du feuillet .
2 types existent: 1) les parallèles (les chaînes sont dans le même sens et parallèles entre elles) et 2) les anti parallèles (les chaînes sont parallèles entre elles mais de sens opposés).
Favorisé par: Val et Ile memo: Victoire
Défavorisé par: Pro et Lys.

3. Le coude β :

coude β :

Court segment de 4 AA permettant un changement de direction de la chaîne
En position 3: Glycine (flexible) Memo: 3G
En position 2: Proline (non flexible) responsable du changement de direction . Memo: 2P
Liaison H entre l'AA1 et l'AA 4 PAS une liaison peptidique!
Frequent dans les feuillets β anti-parallèles.
Present dans les prot globulaires qui doivent être compactes.



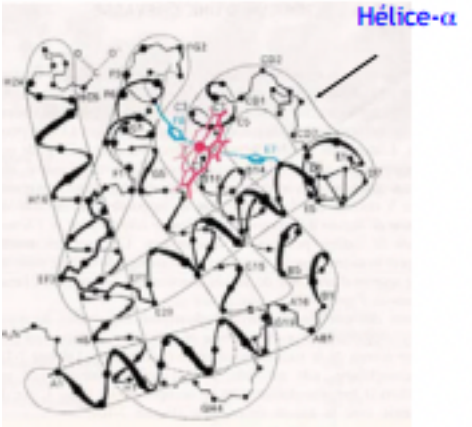
3. La structure Tertiaire:

- Elle correspond à la **structure/l'organisation tridimensionnelle de la protéine**.
- Elle est le support de la **fonction biologique de la protéine**.
- **non linéaire**
- **Thermodynamiquement favorable**
- **La plus stable.**

En effet elle est stabilisé grâce à:

1. Liaisons non covalentes (d'énergie faible/ moyenne)	2. Liaisons covalentes (d'energie forte).
<p>Liaisons apolaires ou hydrophobes:</p> <ul style="list-style-type: none"> - à l'intérieur de la prot. - indépendante au PH - creation d'un coeur apolaire a l'intérieur de la prot. 	<p>Pont disulfures:</p> <ul style="list-style-type: none"> - liaison entre 2 souffres de 2 Cystéines. - diminue la flexibilité mais augmente la solidité de la structure tridimensionnelle. - Nécessitent des agents oxydants ou des enzymes.
<p>Liaisons hydrophiles= hydrogenes:</p> <ul style="list-style-type: none"> - interieur et/ou ext de la prot - dépendante du PH. 	
<p>liaisons ioniques=pont salins=electrostatiques:</p> <ul style="list-style-type: none"> -interaction entre un groupement chargé positivement d'1 AA et négativement d'1 autre AA. 	

Deux types principaux de structure tertiaire pour les protéines existent:

1. Globulaires	2. Fibrillaires
<ul style="list-style-type: none"> - Spherique et compacte - Composition: hélice α, feuillets β - Sont impliquées en général dans des fonctions de synthèse, de transport et dans le métabolisme cellulaire. - Ex: Myoglobuline: compacte et riche en hélice alpha, elle est impliquée dans le stockage / transport de l'oxygène au niveau des muscles squelettiques et cardiaques. 	<ul style="list-style-type: none"> - Allongé comme des Fibres. - Insolubles dans l'eau car fort pourcentage d'AA apolaires. - Ex: kératines alpha : retrouvées dans les cheveux, la peau et les ongles. Riche en hélice alpha composée à partir de 7 acides aminés en séquences répétitives. - Conséquence → 2 hélices peuvent s'enrouler l'une sur l'autre et être stabilisées par des interactions hydrophobes.
	<p>Elles sont riches en Cystéine → nombreux ponts disulfures → augmente la stabilité de la structure.</p> <p>Attention: Keratine beta riche en feuillet beta et présent dans la peau de reptiles, écailles, bec, griffes etc</p>

La structure tertiaire donné à la protéine sa **fonction biologique** donc si elle est *perturbé* mais de manière minime **ca va engendrer une perte de sa fonction. Elle peut être modifié par:**

Mutation génétique.	dysfonctionnement des protéines d'assemblages.								
<p>Une mutation génétique → changement de codon → changement d'AA → perturbation de la structure tridimensionnelle → modification de fonction → maladie.</p> <p>Ex de la drépanocytose: Glu en position 6 remplace par Val. Formation de HbS au lieu de HbA.</p>	<p>Formation d'agrégats (plaques amyloïdes dans maladies neurodégénératives) → hélice-α vers feuillet β</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Maladies</th> <th>Protéines impliquées</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Maladie d'Alzheimer</td> <td>Peptide Aβ</td> </tr> <tr> <td>Maladie de Parkinson</td> <td>α-synucléine</td> </tr> <tr> <td>Maladie de Creutzfeld-Jacob</td> <td>Protéine à prion</td> </tr> </tbody> </table>	Maladies	Protéines impliquées	Maladie d'Alzheimer	Peptide A β	Maladie de Parkinson	α -synucléine	Maladie de Creutzfeld-Jacob	Protéine à prion
Maladies	Protéines impliquées								
Maladie d'Alzheimer	Peptide A β								
Maladie de Parkinson	α -synucléine								
Maladie de Creutzfeld-Jacob	Protéine à prion								

4. Structure Quaternaire:

Assemblage (oligomérisation) de deux ou plusieurs chaînes polypeptidiques (facultatif):

- **homo-oligomeres:** association de chaînes **identiques**.
- **Hetero-oligomeres:** association de chaînes **différentes**.

Elle est stabilisé par des interactions: électrostatiques+ Hydrogènes+ Hydrophobes+ des ponts disulfures (covalentes).

Parmi les protéines, la moitié possèdent des structures quaternaire, dont

- 2/3 sont des **homomères**
- 1/3 sont des **hétéromères**



D) La dénaturation.

C'est un processus physique qui **détruit les structures secondaires, tertiaires et quaternaires** de la protéine mais **PAS primaire** ce qui induit une perte de la fonction de la protéine.

- **Peut être réversible**
- **la protéine devient insoluble**

Elle peut être causée par:

Mécanismes	Liaisons cassées
Changements de PH	- hydrophile - ionique
composé organique détergeant chaleur	- hydrogènes - hydrophobes
métaux lourds	- ponts salins - ponts disulfures

Les différentes fonctions des protéines:

- **Formation et maintien des structures:** collagène, kératines
- **Transport hémoglobine, transporteurs transmembranaires**
- **Catalyse (enzyme)phosphatases, protéines kinases...**
- **Mouvement actine / myosine**
- **Défense / protection:** immunoglobuline gamma
- **Contrôle et régulation:** insuline, glucagon

FINNNN j'espere que la fiche vous a plu!!!

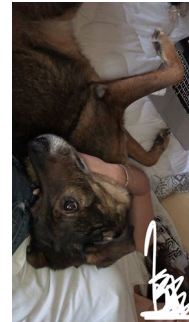
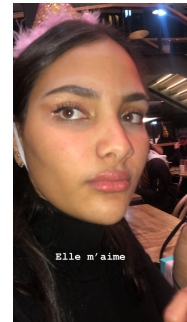
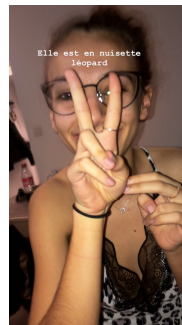
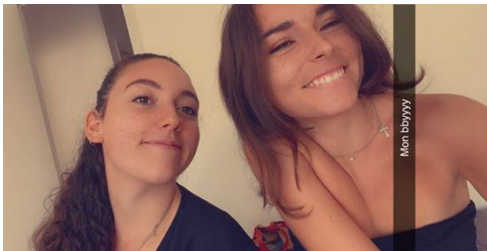
Ca fais tellement de temps que j'attends ce moment pour faire mes dedicaces wsh. Bon déjà gros big up à mes potes de la Reunion qui m'ont supportés pendant les Vacances pdnt que je bossais (qui liront jamais ceci).

Grosse dedicasse aussi à mes copines totally spies de PACES qui m'ont tellement aidé psychologiquement pendant cette année si difficile.

DEDI A MON GROS CHIEN D'AMOUR

Dedi à mon parrain Adrieeeeen le S

Et aussi une petite dédie à mon chérie :)



Dedi aussi à Rania cette grosse folasse.

Bref je vous écris quelques mots à tous pour vous envoyer que des bonnes ondes et du courage pour cette année (doublants, PASS/LASS). Il faut vraiment comprendre que si vous donnez tout ce que vous avez dans le bide et que vous aimez ce que vous faites peu importe qui vous êtes ou d'où vous venez, vous réussirez. Pas besoin d'être un petit génie pour ça. Vous êtes tous forts, je compte sur vous et vous pouvez compter sur nous aussi. Pleure pas frérot je te vois

