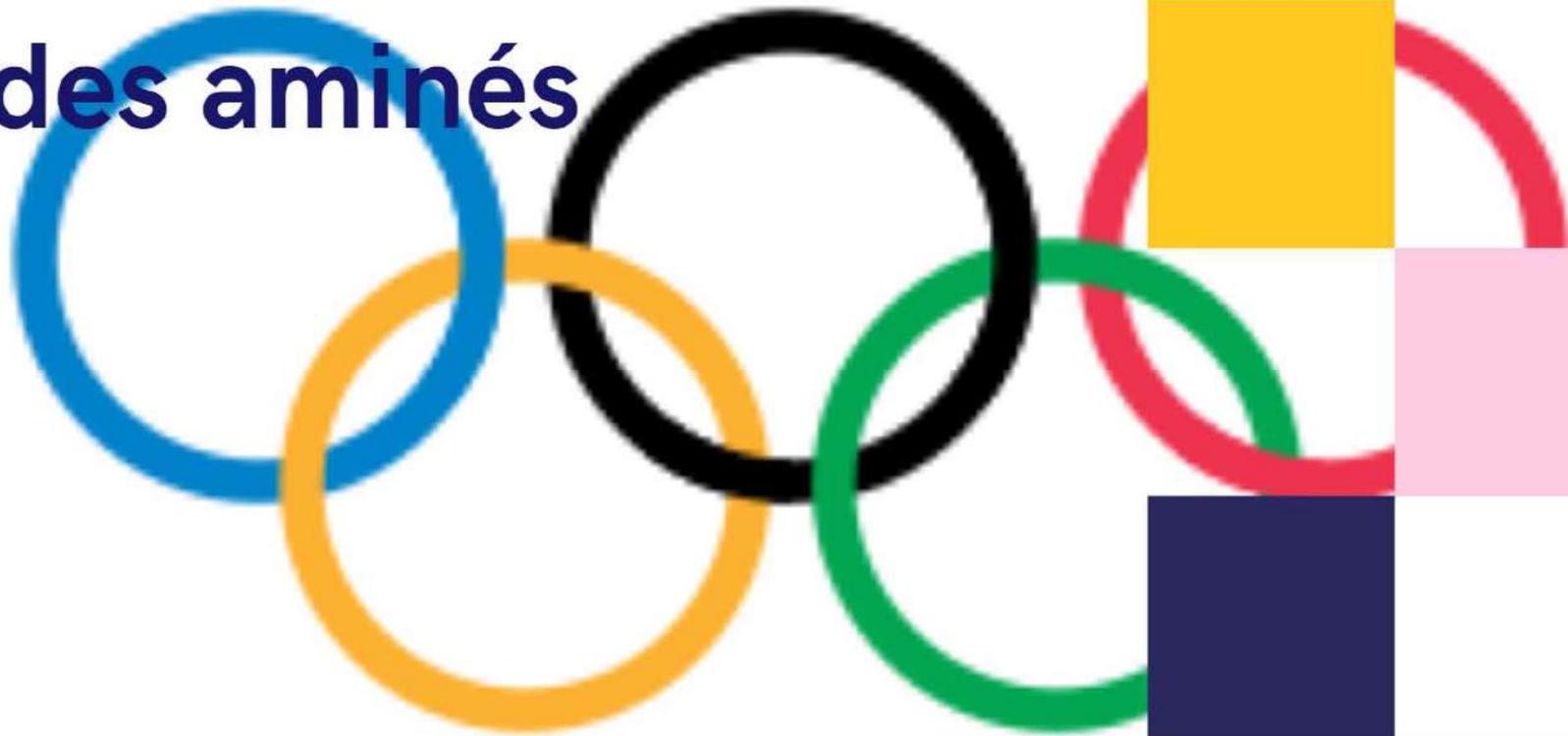


Acides aminés

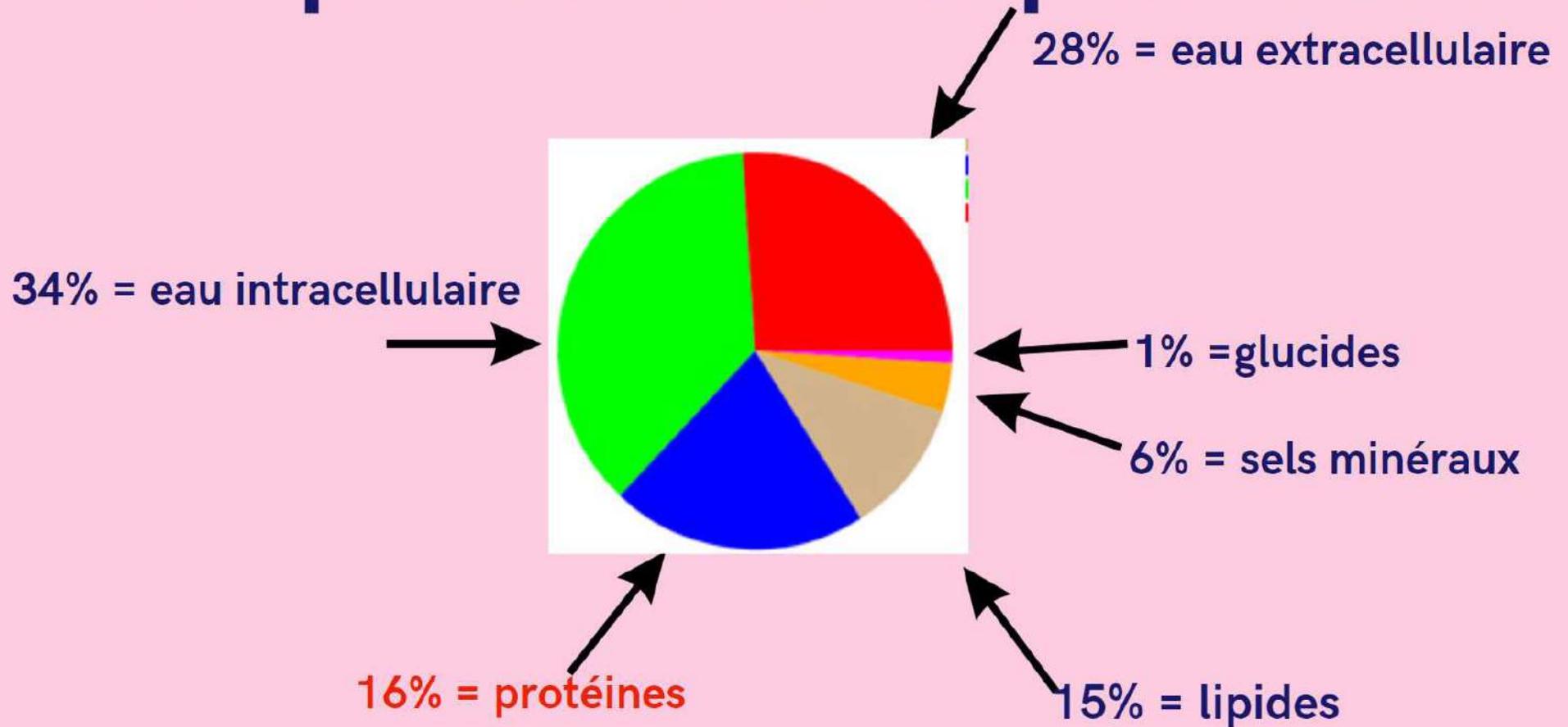


TTR 2023-2024

Narinette



Composition du corps humain



Qu'est-ce que c'est des protéines ???

Ma soeur : C'est ce que la nourriture nous apporte, c'est bien pour notre corps, ça apporte du sucre pour faire marcher le cerveau et le corps.

Mon autre soeur : Une protéine c'est des enchaînements de 3 acides aminés. Un peu comme un collier de perles. Différents types de protéines : les lipides et les glucides. Les protéines c'est dans la viande

Ma grand-mère : une protéine c'est constitué d'AA et de glucides.

Protéines animales ou végétales

Mon grand-père : dans le Sd néphrotique, les protéines étaient en quantité abondante. Une protéinurie supérieure à un certain chiffre évoque une maladie du rein



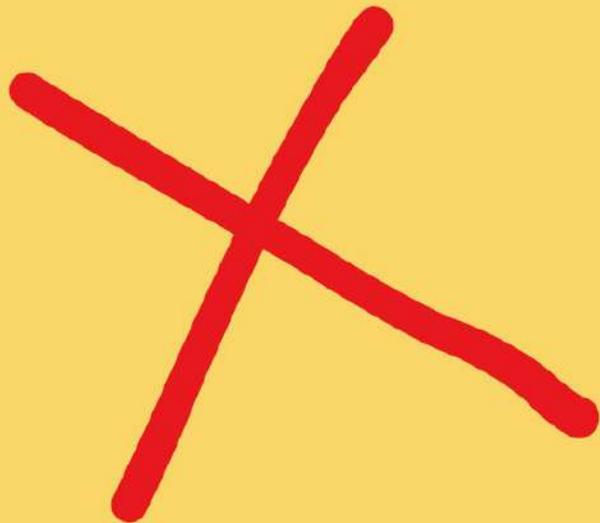
constituée d'une suite d'acides aminés

- protéines de structure Ex : collagène
- enzymes Ex : glucokinase
- protéines motrices
- protéines de transport
- protéines de signalisation
- anticorps
- protéines de transport et stockage de l'oxygène Ex : hémoglobine

Qu'est ce que c'est les acides aminés ??

Ma soeur : Ca rentre dans la composition des protéines

Les acides aminés, c'est le lithium par exemple



20 AA classiques

Codés par le code génétique

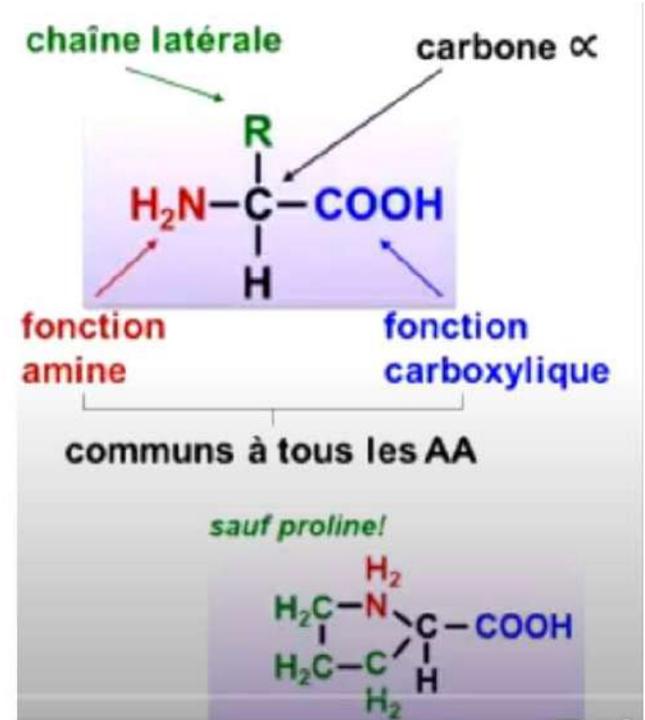
+ 21ème AA rare : la sélénocystéine

Attention : la sélénocystéine n'a pas de codon spécifique, elle est produite par la reprogrammation du codon stop UGA.



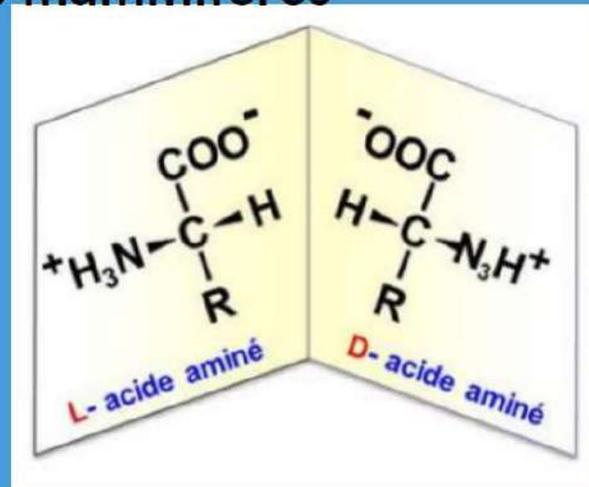
Structure des acides aminés

110 Da



Configuration de AA

- Carbone asymétrique alpha, sauf la glycine
- Enantiomères = stéréoisomères de configuration
- Projection de Fischer -> configuration D (dextrogyre) et L (lévogyre).
- Deux images non superposables l'une de l'autre dans un miroir.
- Majoritairement L chez les mammifères

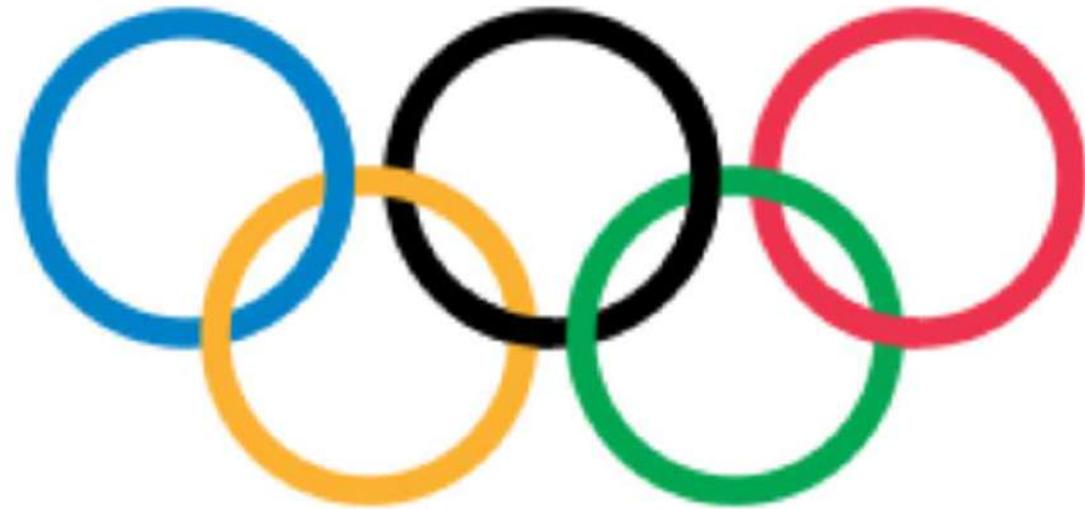


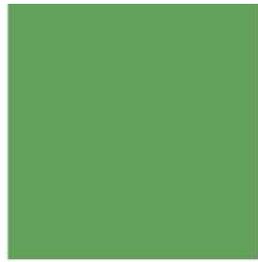
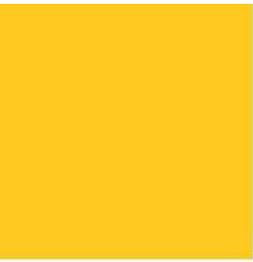
Classification des AA

Classés en fonction de la structure et de la polarité de leur chaîne latérale R :

- Les AA avec un groupement polaire (hydrophile) sur R peuvent être chargés (=charge complète) ou non-chargés (=charge partielle)
- Les AA avec un groupement apolaire (=non polaire) (hydrophobe) sur R

Les AA sont désignés par un code à 3 lettres ou à l'aide d'une seule lettre.





- aspartate -> patate -> pomme dauphine -> D
- glutamate -> glouton -> enorme -> E
- lysine -> fleur de lys -> royauté -> king -> K
- asparagine -> asperger -> t'as la haine -> N
- glutamine -> mine -> bonne mine -> queen -> Q

acides aminés non polaires

Glycine	Gly	G
Alanine	Ala	A
Valine	Val	V
Leucine	Leu	L
Isoleucine	Ile	I
Méthionine	Met	M
Proline	Pro	P
Phénylalanine	Phe	F
Tryptophane	Trp	W

Aromatique

acides aminés polaires

Sérine	Ser	S
Thréonine	Thr	T
Tyrosine	Tyr	Y
Asparagine	Asn	N
Glutamine	Gln	Q
Cystéine	Cys	C
Aspartate	Asp	D
Glutamate	Glu	E
Histidine	His	H
Lysine	Lys	K
Arginine	Arg	R

Non-chargé

-

Chargé

+

Acides aminés essentiels

- Ne peuvent pas être synthétisés par le corps humain. Ils ne sont obtenus que par l'apport alimentaire.
- 8 AA essentiels chez l'adulte et 10 AA essentiels chez l'enfant.
- Arginine et Histidine sont essentiels chez l'enfant mais pas chez l'adulte

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

Les AA non codés par le génome

- environ 300 AA supplémentaires, non codés par le génome
- Les AA non codés par le génome mais faisant partie de protéines
- Les AA non codés par le génome et non impliqués dans la structure des protéines

Les AA non codés par le génome mais faisant partie de protéines

1. Hydroxylation	-proline- -lysine-	OH → hydroxylase	4-hydroxyproline 5-hydroxylysine	présents dans collagène
2. Carboxylation	-glutamate-	COOH → γ-glutamyl carboxylase	γ-carboxyglutamate	fixation Ca ²⁺ /facteurs de coagulation/matrice osseuse(ostéocalcine)
3. Phosphorylation (sur OH)	-sérine- -thréonine- -tyrosine-	phosphate → kinase	phospho-AA	signalisation
4. Acétylation NH2	-NH2 ter lysine-	acétyl-CoA → Acétyl- transférase	N-acétyl-lysine	histones
5. Glycosylation	-sérine/thréonine- (sur OH) -asparagine- (sur NH2)	saccharides → glycosyltransférase	glycoprotéine	interactions cellule- cellule

Les AA non codés par le génome et non impliqués dans la structure des protéines

AA résultants de modifications de la chaîne latérale de résidus d'AA libres

- AA non codés par le génome, mais dérivés d'AA codés

Ex : L-arginine -> L-ornithine et L-citrulline

- Molécules dérivées d'AA

Ex : histidine -> histamine

Tryptophane -> sérotonine

Glutamate -> GABA



Vous avez des questions ?



QCMs

QCM 1 : donnez la (les) proposition(s) exacte(s) :

- A) On retrouve 15% de protéines dans le corps humain
- B) Les glucides font partie des protéines
- C) Les AA constituent les protéines
- D) Il existe 21 AA "classiques"

QCM 2 : donnez la (les) proposition(s) exacte(s) :

- A) L'Isoleucine est un AA rare, qui n'a pas de codon spécifique
- B) La vanilline est un AA apolaire
- C) Un AA a une masse moléculaire moyenne de 110 Da
- D) Tous les AA possèdent un carbone alpha, sauf la Glycine

Correction

QCM 1 : C

A) On retrouve 15% de protéines dans le corps humain 16%

B) Les ~~glucides font partie des protéines~~ JAMAIS surtout pas !!

C) Les AA constituent les protéines

D) Il existe ~~21~~ AA "classiques" 20 AA classiques + 21ème AA rare

QCM 2 : CD

A) ~~l'Isoleucine~~ est un AA rare, qui n'a pas de codon spécifique la sélénocystéine

B) La ~~vanilline~~ est un AA apolaire valine

C) Un AA a une masse moléculaire moyenne de 110 Da d'ailleurs faites attention, si on vous avait demandé le poids moléculaire, c'est 110 sans unité

D) Tous les AA possèdent un carbone alpha, sauf la Glycine

Questions



Citez des fonctions des protéines, et si possible, donnez des exemples

Donnez moi tous les noms d'AA dont vous vous souvenez

Quels sont les 4 groupements accrochés au carbone alpha des AA ?

Quels sont les AA essentiels ?



P

A

U

S

E

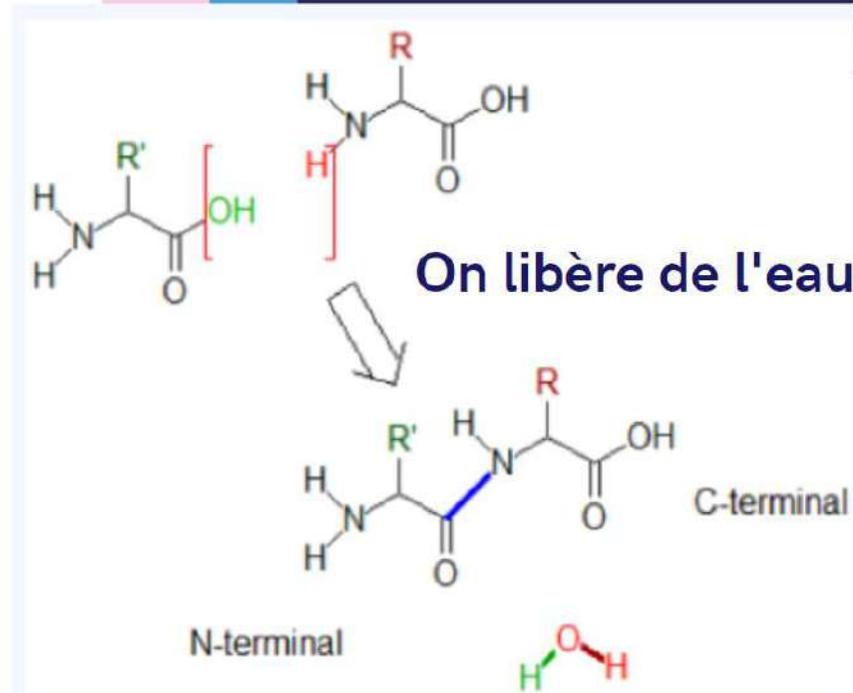
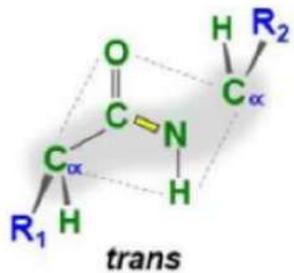
Protéines

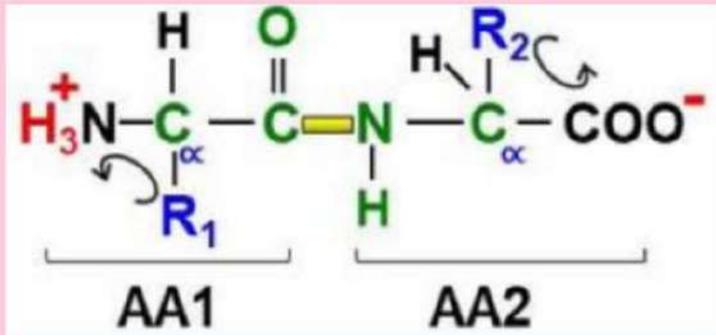
les AA sont reliés entre eux par une liaison peptidique. On forme :

- des peptides : 2 à 9 AA Ex : aspartame et carnosine (dipeptides), glutathion (tri), angiotensine 2 (octa)
- des polypeptides : 10 à 50 AA
- des protéines : + de 50 AA

Ex : insuline

Configuration TRANS sauf la Proline en CIS





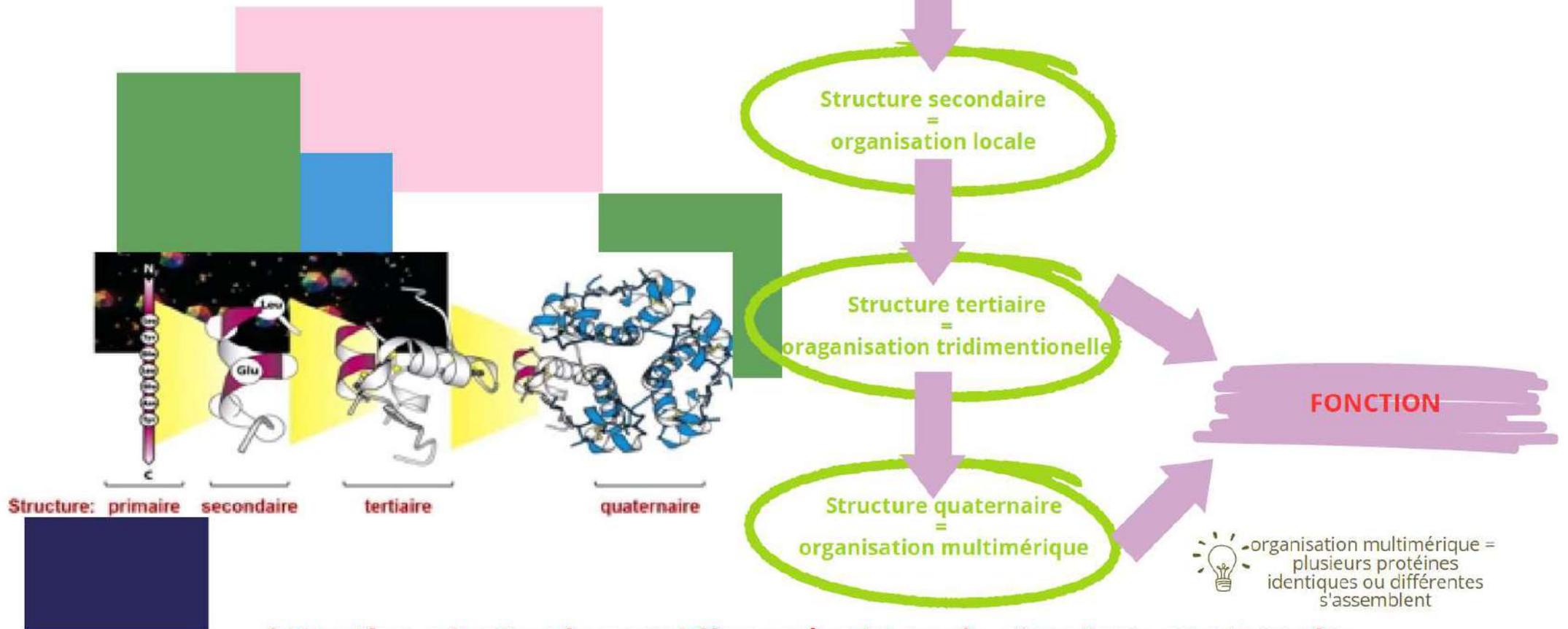
- Rigidité de la liaison peptidique
- 6 atomes (C, N, 2C α , O, H) du groupe peptide (*ceux en vert*) sont dans un même plan rigide -> rotations impossibles

Absence de charge mais la présence de polarité :

Les groupements C=O et NH de la liaison peptidique ne sont pas chargés, et ni libèrent ni acceptent de protons. -> Groupements chargés correspondent uniquement au groupement N-terminal, C-terminal et tout groupement ionisé des chaînes latérales .

Les groupements C=O et NH de la liaison peptidique sont polaires et impliqués dans des liaisons H (hélices alpha et feuilletts bêta).

Structure tridimensionnelle

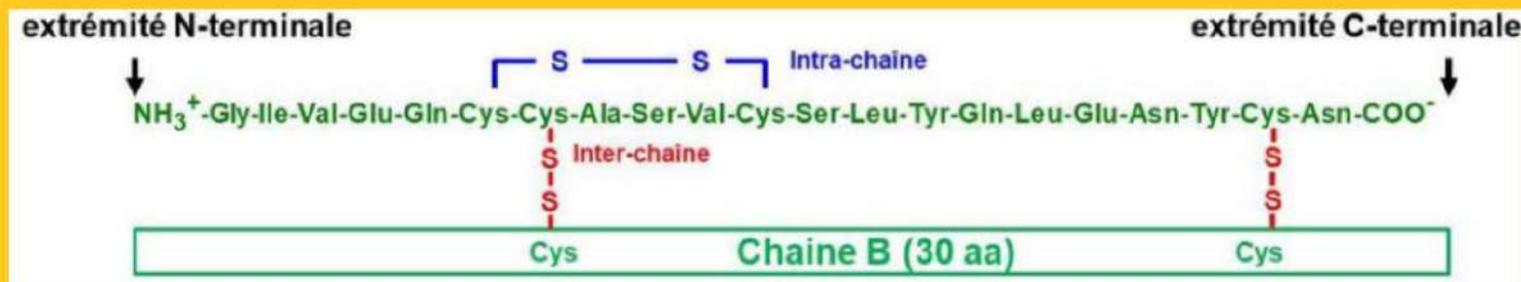


Attention : toutes les protéines n'ont pas de structure quaternaire

Masse / poids moléculaire

- Masse moléculaire = le 1/12 de la masse d'un atome de C12. En Dalton (D)
- Poids moléculaire = ratio de la masse d'une particule sur le 1/12ème de la masse d'un atome de C12. Symbole = Mr. Pas d'unité

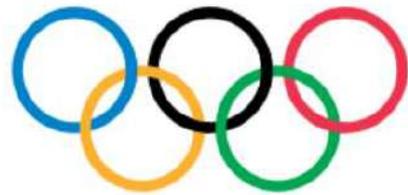
Problème : Sachant que la masse moléculaire d'un AA est de ..., et que l'insuline comporte ... AA, quelle est la masse moléculaire de l'insuline ?



Le protéome

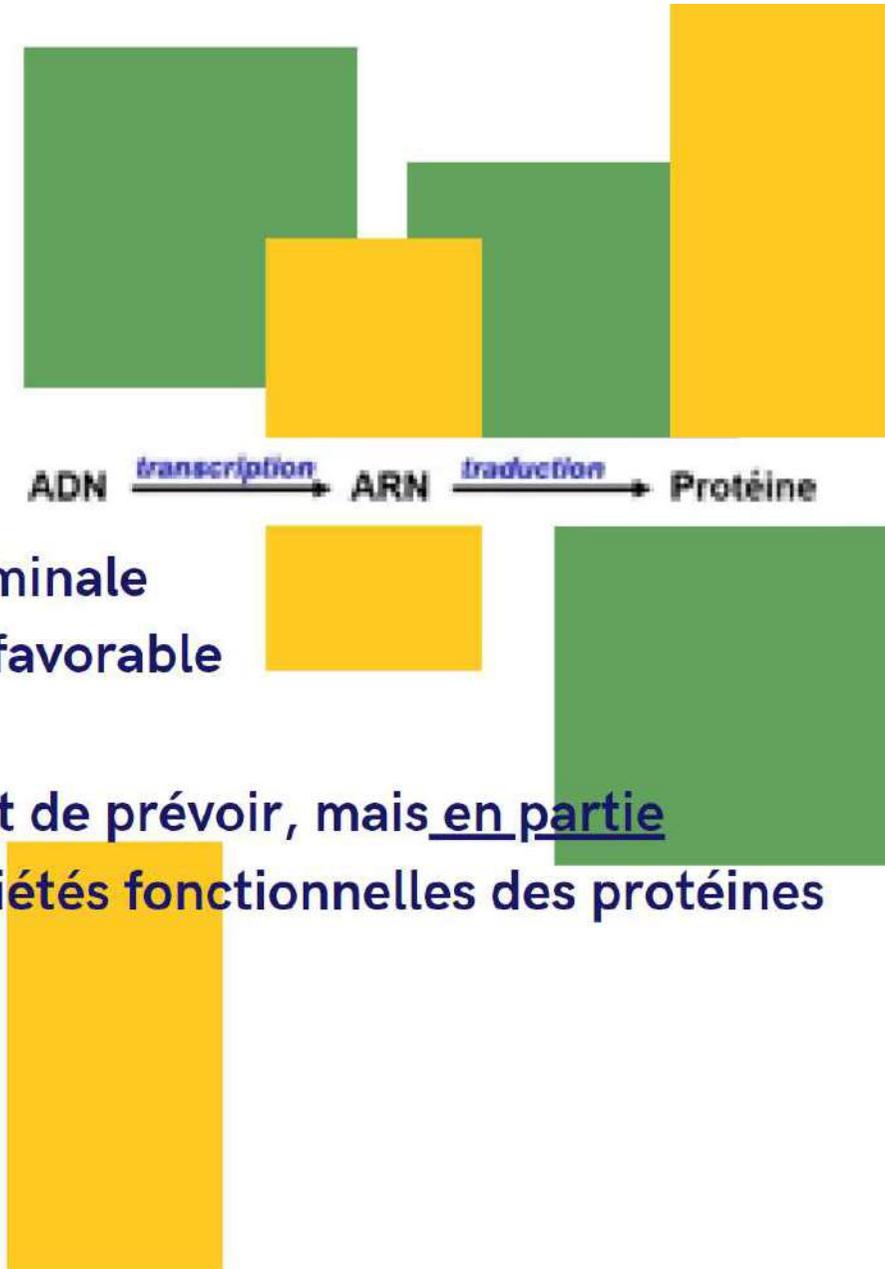
Ensemble des protéines (codées par les gènes + celles qui en dérivent) qui permettent l'organisation et le fonctionnement de la cellule.

Comparons celui de la levure et celui de l'Homme



Structure primaire

- Linéaire
- Ordonnée, unique et dépend du code génétique
- De l'extrémité N-terminale vers l'extrémité C-terminale
- **Non fonctionnelle** et non thermodynamiquement favorable



Les connaissances de la structure primaire permettent de prévoir, mais en partie seulement, la structure tridimensionnelle et les propriétés fonctionnelles des protéines

Structure secondaire

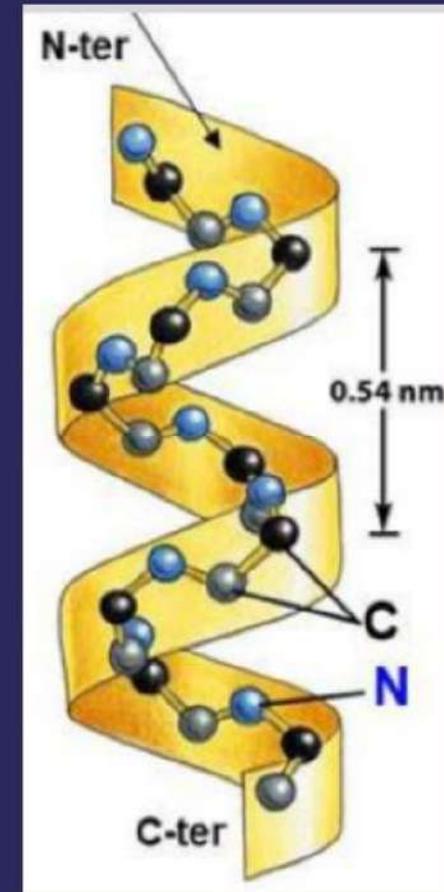
- Non Linéaire
- Formée et stabilisée par des liaisons hydrogènes
- Décrit des motifs répétitifs de structure à l'intérieur de la structure tridimensionnelle d'une protéine (les plus courants sont l'hélice alpha et les feuillets bêta)
- Thermodynamiquement favorable

Structures répétitives : hélices alpha et feuillets bêta

Structures non répétitives : coudes et boucles

Hélice alpha

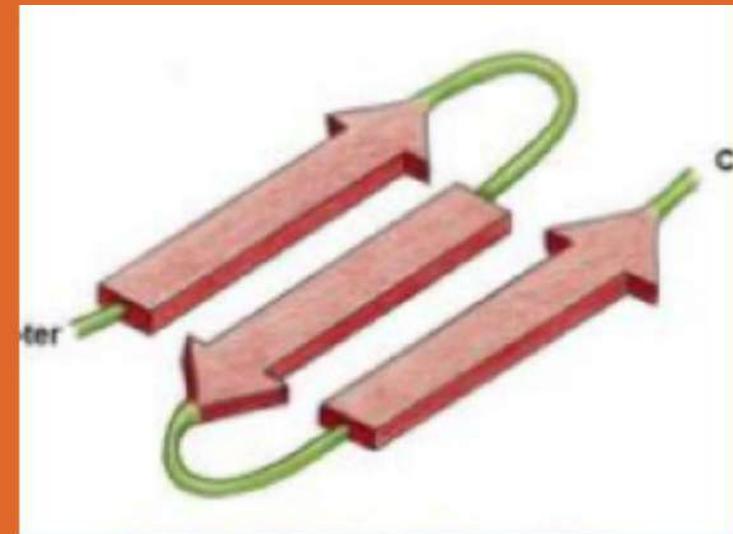
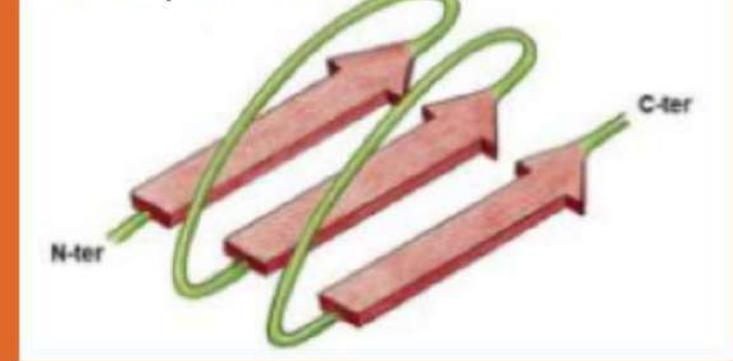
- Forme hélicoidale
- Chaînes latérales pointent vers l'ext
- Ponts H intra-chaînes, placés de façon régulière (entre n et n+4)
Parallèles à l'axe
- Hélice extensible et élastique
- Chaque tour d'hélice contient 3,6 AA
- Tourne dans le sens des aiguilles d'une montre -> pas à droite -> hélice droitère
- ~~Proline et AA chargés~~



Feuillet bêta-plissé

- inextensible
- plus étiré que l' α -hélice
- Les segments des chaînes peptidiques sont reliés entre eux par des liaisons H
- pas de nombre particulier d'AA pour la liaison H
- Chaînes latérales au dessus et en dessous
- VI PK

moins fréquent et moins stable

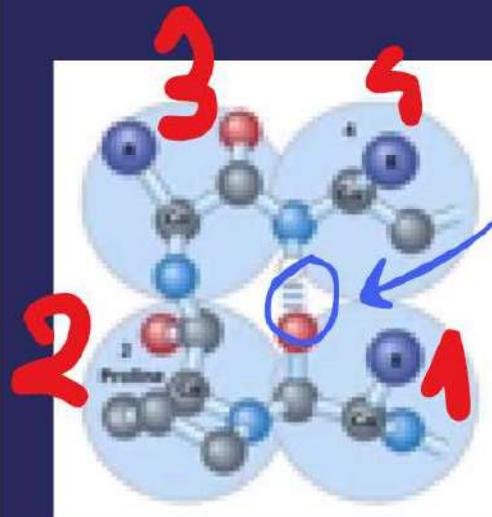


Coude bêta

- En surface des protéines
- Changement de direction
- Dans les protéines globulaires (compactes), 1/3 des AA constituent les coudes

Position 2 : Proline

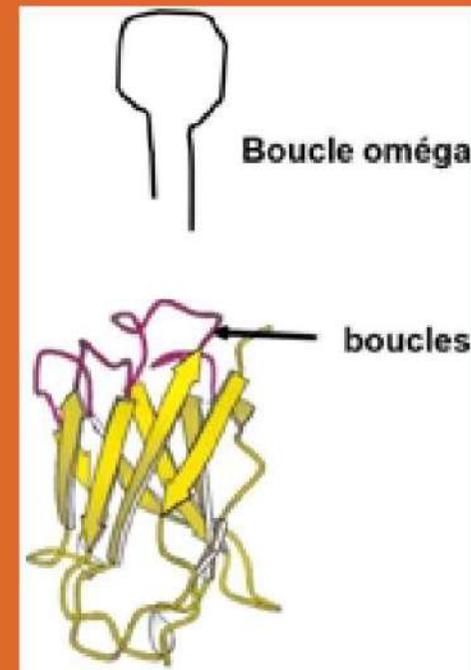
Position 3 : Glycine



liaison H entre AA1 et AA4

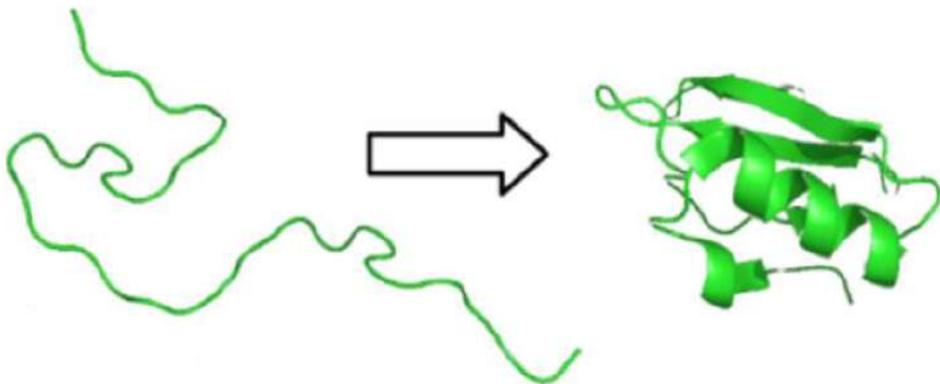
Boucle (=omega loop)

- Ressemble au coude mais en + long
- En surface -> interactions avec d'autres protéines ou molécules



Structure tertiaire

- Non linéaire
- Stabilisée par des liaisons covalentes ou non covalentes
- **Indispensable pour que la protéine soit fonctionnelle**
- Protéines fibreuses (= en bâtonnets) (kératine alpha, collagène)
- Protéines globulaires (myoglobine)



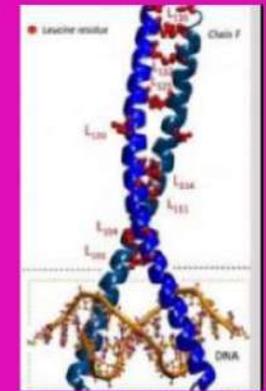
Stabilisation de la structure tertiaire



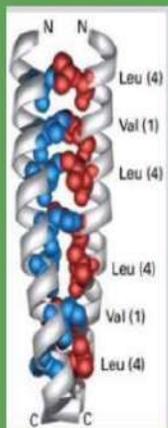
Les motifs et les domaines de la structure tertiaire

Les domaines sont formés par la combinaison d'éléments structuraux super-secondaires que l'on nomme motifs.

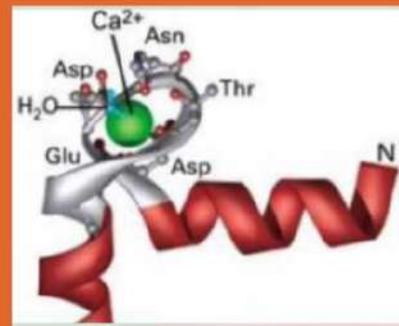
Domaine bZIP (basic leucine zipper)



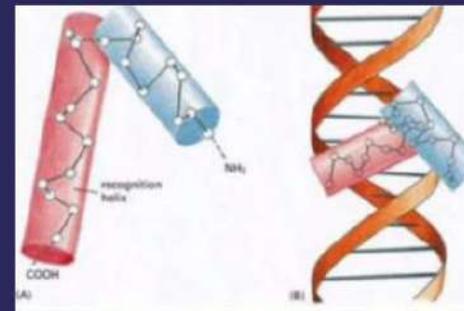
Motif coiled coil (hélices torsadées)



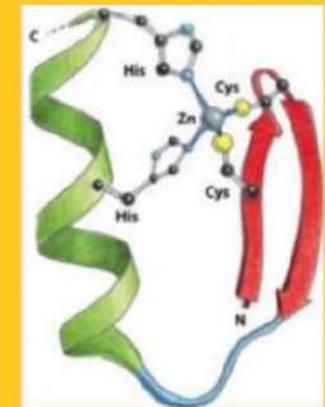
Motif hélice-Boucle-hélice (=helix-loop-helix)



Motif hélice-coude-hélice (=helix-turn-helix)



Motif à doigt de zinc (zinc finger)



Dénaturation des protéines

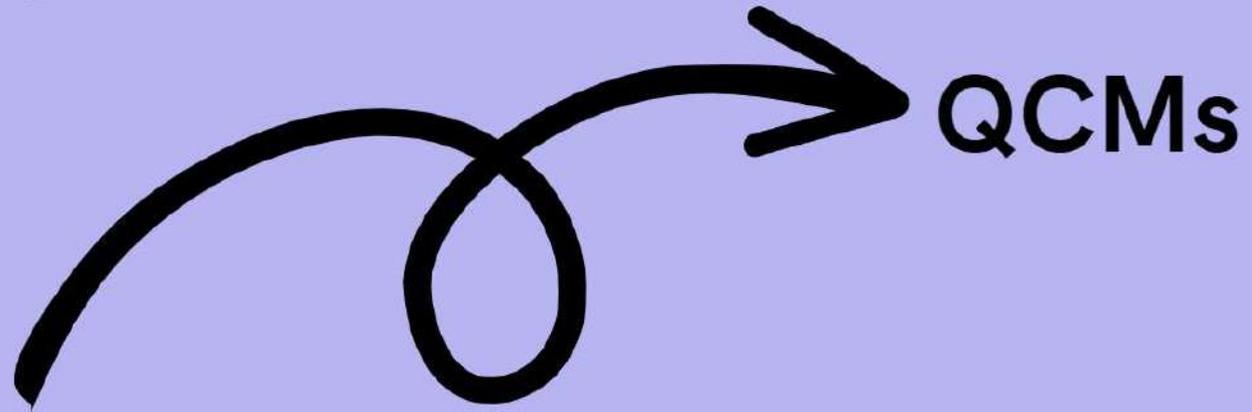
Processus physique qui détruit les structures secondaires, tertiaires et quaternaires -> Perte de fonction

La structure primaire n'est pas altérée (pas d'hydrolyse des liaisons peptidiques).

Changement de pH, composés organiques (urée), chaleur, détergents, métaux lourds

On s'arrête là pour la TTR *ouf*

A l'EB, vous aurez la fiche AA + fiche protéines et vous vous arrêtez avant la structure quaternaire



QCM 1 :

A) Les protéines sont reliées entre elles par des AA

B) Les liaisons peptidiques se font en TRANS

C) La liaison peptidique est chargée donc polaire

D) La formation d'une liaison peptidique libère de l'ammoniaque

QCM 2 :

A) La structure primaire est une organisation tridimensionnelle

B) Le poids moléculaire n'a pas d'unité

C) L'hélice alpha est une structure répétitive

D) Les liaisons ioniques sont des liaisons non covalentes

QCM 1 : B

A) ~~Les protéines sont reliées entre elles par des AA~~ Les AA sont reliés par des liaisons peptidiques

B) Les liaisons peptidiques se font en TRANS

C) La liaison peptidique est chargée donc polaire Elle n'est surtout pas chargée !!

D) La formation d'une liaison peptidique libère de l'ammoniaque de l'eau bien sûr

QCM 2 : BCD

A) La structure primaire est une organisation tridimensionnelle linéaire

B) Le poids moléculaire n'a pas d'unité

C) L'hélice alpha est une structure répétitive

D) Les liaisons ioniques sont des liaisons non covalentes

FIN

**Nouveau cours : intro au
métabolisme**

