# PROTÉINES

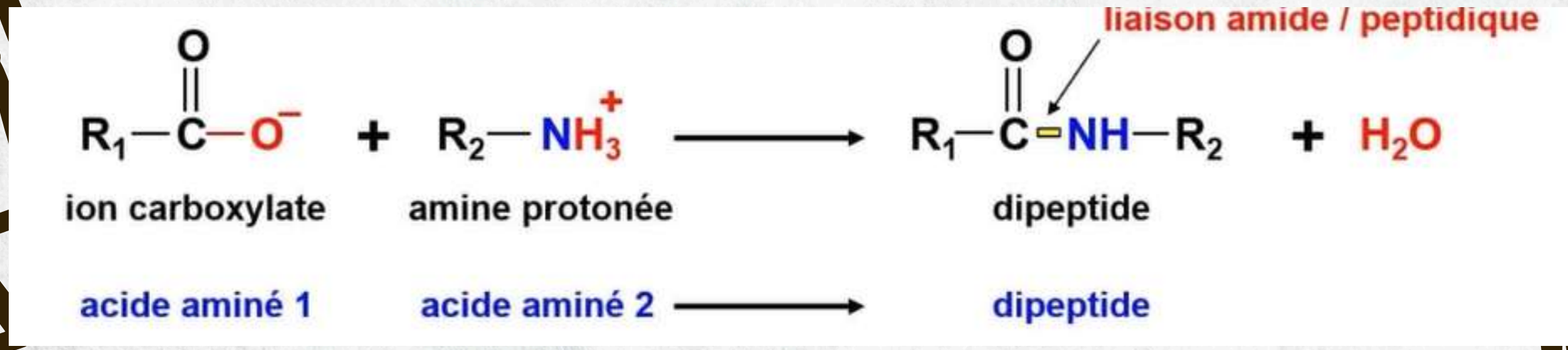
Par Maryténoïde

## Tut rentrée 2026-2027

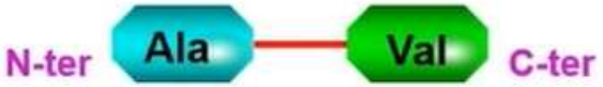
# Liaisons peptidiques

**LES ACIDES AMINÉS PEUVENT S'ASSEMBLER POUR FORMER :**

| | |
|---|---|
| Peptides | 2-9 AA |
| Polypeptides | 10-50 AA |
| Protéines | + 50 AA |

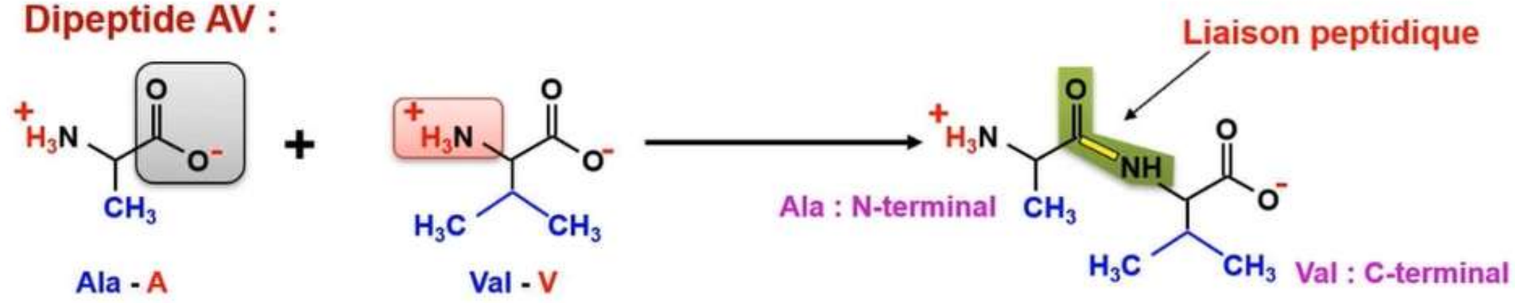


# Dipeptides alanine valine



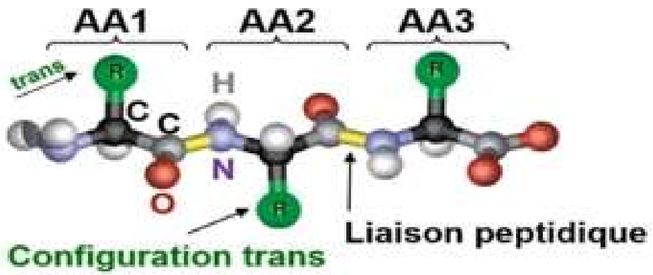


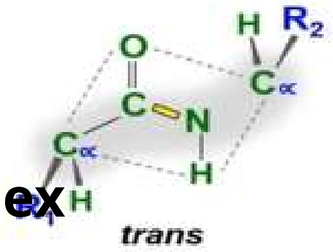


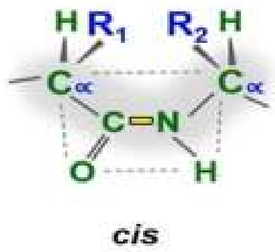


# CARACTÉRISTIQUES

-Chaînes latérales sont en trans.



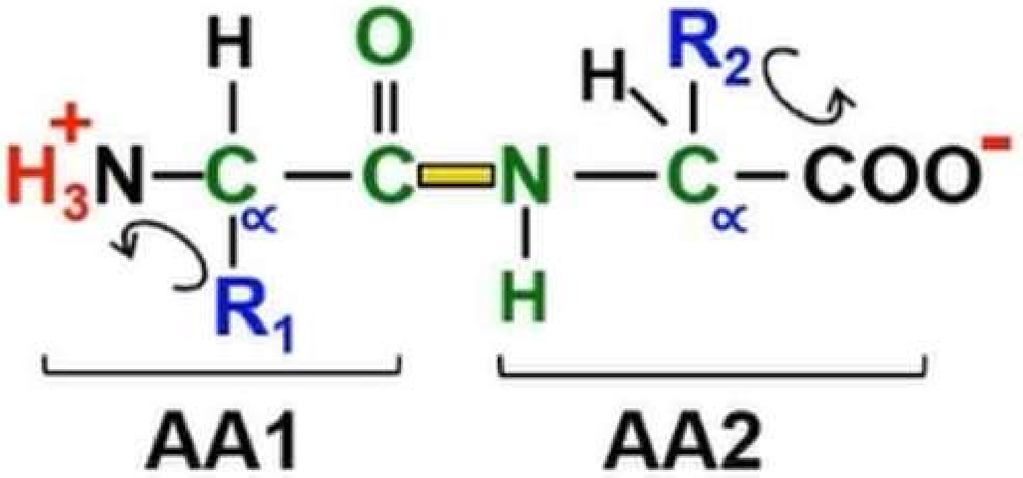

exceptut: les liaisons avec la proline sont en sis

-caractéristiques partielles d’une double liaison

entre 1,30 A et 1,47 A

# CARACTÉRISTIQUES

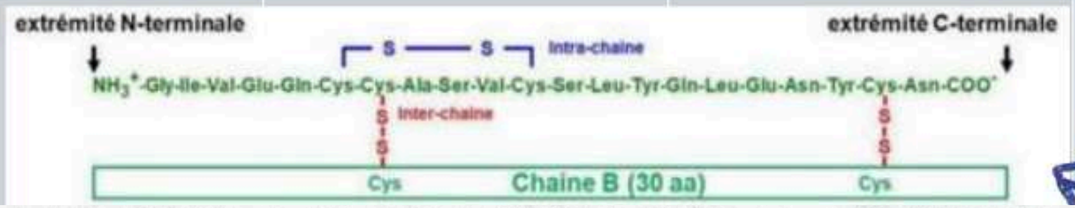
-rigidité de la liaison peptidique




-Liaison peptidique pas ionisée mais polaire.

# Polypeptides

| Dipeptides = 2 AA reliés par une liaison peptidique (LP) | Tripeptide :3 AA reliés par 2 LP | Octapeptide : 8 AA, reliés par 7 LP | Polypeptide : De 10 à 50 AA |
|---|---|---|---|
| Ex : - L'Aspartame composé de l'aspartate + Phénylalanine => édulcorant artificiel<br>- Carnosine : Béta-alanine + Histidine => provient de la digestion du muscle | Ex : - Glutathion (GSH) : glutamate + cystéine + glycine | Ex : L'Angiotensine 2 => Régulation de la pression artérielle chez l'Homme | Ex :- Insuline => hormone formée de 2 chaînes unies par 2 ponts disulfure inter-chaîne. Chaîne A = 21 AA; Chaîne B = 30 AA. L'Insuline est la seule hormone hypoglycémiante de l'organisme et joue un rôle majeur dans la régulation du métabolisme. |



# La masse /poids moléculaire des peptides



## Masse moléculaire

est exprimée en Dalton. 1 Dalton = 1/12 de la masse d'un atome de C12.

## Poids moléculaire

est défini comme le ratio de la masse d'une particule sur le 1/12ème de la masse d'un atome de C12 (divisé par un Dalton) Le symbole est « Mr » pour « relative molecular mass ». Pas d'unité.

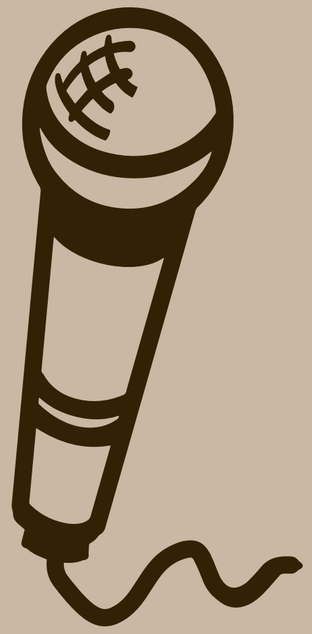
## Masse d'un aa=113 DA

Donc à partir de la masse moléculaire d'une protéine, on peut calculer le nombre d'AA qu'elle contient et inversément.

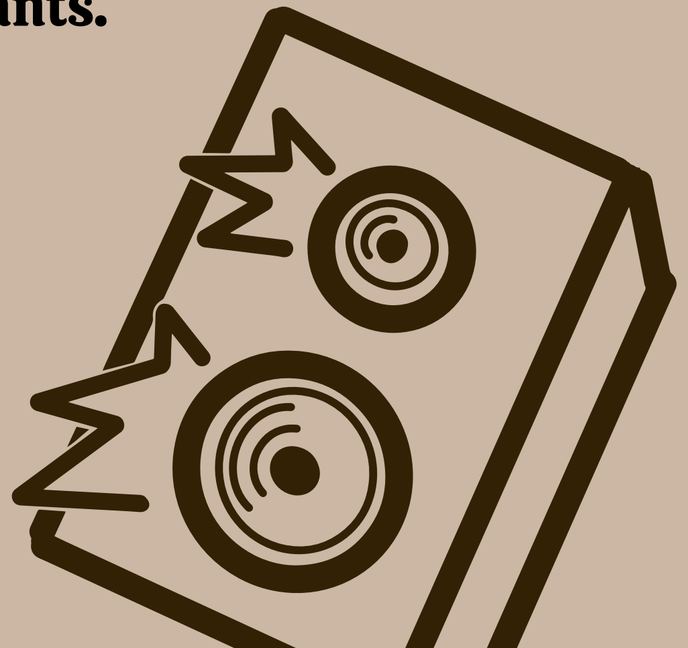
# Le protéome

**Protéome : C'est l'ensemble des protéines (codées par les gènes + celles qui en dérivent) qui permettent l'organisation et le fonctionnement de la cellule.**

**Le protéome de la levure est constitué d'environ 6000 protéines (qui proviennent d'environ 6000 gènes) alors que le protéome de l'Homme se compose de plus de 30 000 protéines, sachant que l'Homme a environ 20 000 gènes codants.**
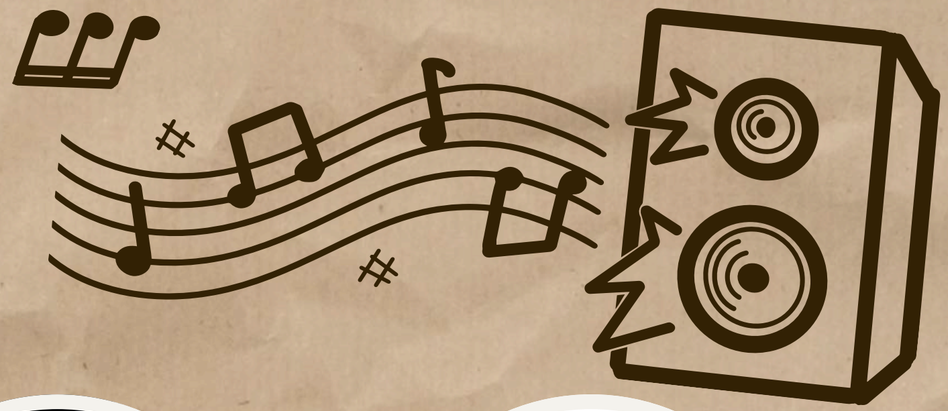






# RELATION STRUCTURE ACTIVITÉ DES PROTÉINES

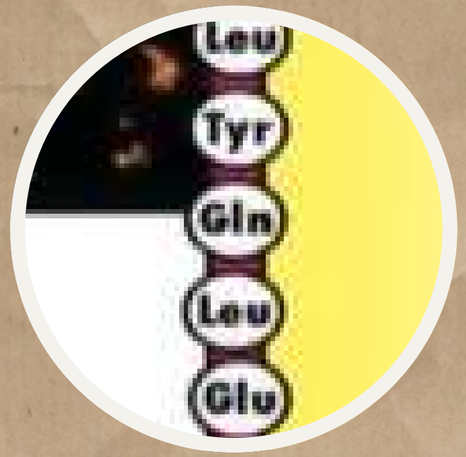
La fonction d'une protéine est dérivée de sa structure tridimensionnelle qui, elle, découle de sa structure primaire qui, à son tour, est déterminée à partir de la séquence ADN du gène correspondant

**On retrouve 7 catégories fonctionnelles :**

**->Les protéines de structure**
**->Les enzymes**
**->Les protéines motrices**
**->Les protéines de transport**
**->Les protéines de signalisation**
**-> Les anticorps**
**-> Les protéines de transport et stockage d'oxygène**

# LA STRUCTURE 3D DES PROTÉINES






## Structure Primaire

Séquence linéaire des AA reliés entre eux par des liaisons peptidiques.




## Structure secondaire

C'est une organisation tridimensionnelle locale de la chaîne peptidique



## Structure tertiaire

Ensemble des conformations tridimensionnelles d'une protéine



## Structure quaternaire

Conformation tridimensionnelle d'une protéine composée de plusieurs sous-unités polypeptidiques

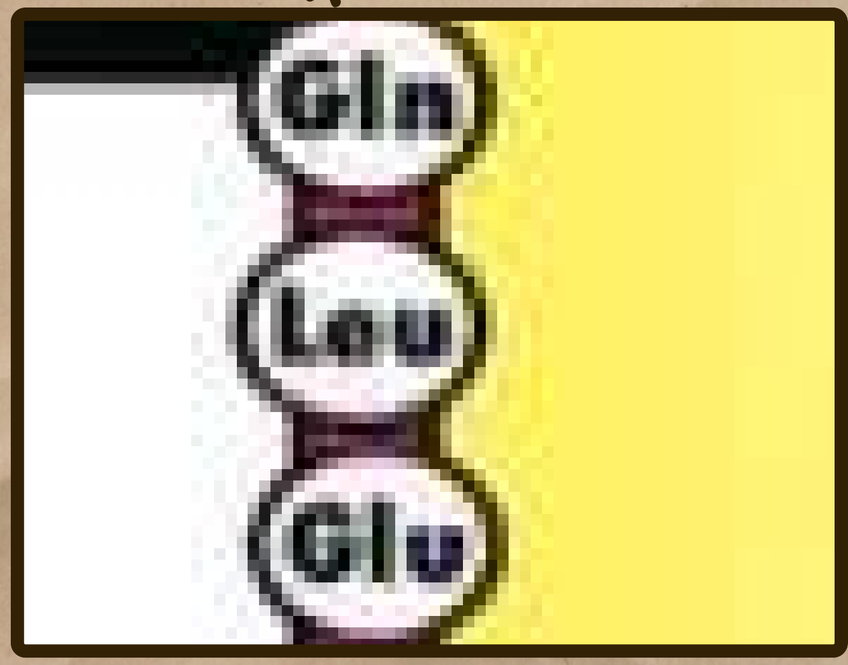
# STRUCTURE PRIMAIRE

-Linéaire

-Ordonnée, unique et dépend du code génétique

-De l'extrémité N-terminale vers l'extrémité C-terminale

-Non fonctionnelle et non thermodynamiquement favorable (= peu stable)






Donc on dit que la structure primaire détermine (partiellement) la structure finale de la protéine

# STRUCTURE SECONDAIRE

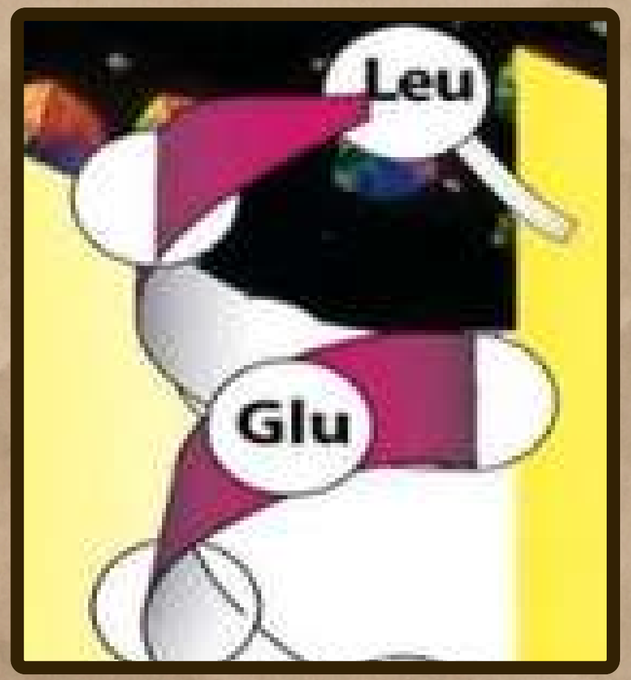
-Premier degré de complexité dans l'espace

-Organisation tridimensionnelle locale de la chaîne peptidique.

-Non Linéaire.

-Formée et stabilisée par des liaisons hydrogènes

-Thermodynamiquement favorable



# LES MOTIFS RÉPÉTITIFS

## Hélice alpha

-Forme hélicoïdale
-Chaînes latérales ->l'extérieur--
Ponts H intra-chaînes ->
parallèles à l'axe, tous les 4 AA
-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 droitière
- Proline et AA chargés
perturbent l'hélice alpha

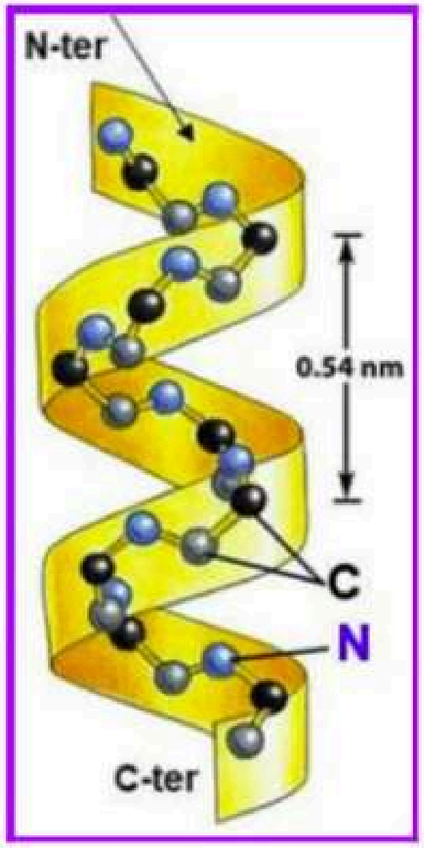
## Feuillets bêta

-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



# Environ 60% des Protéines ont ces motifs répétitifs

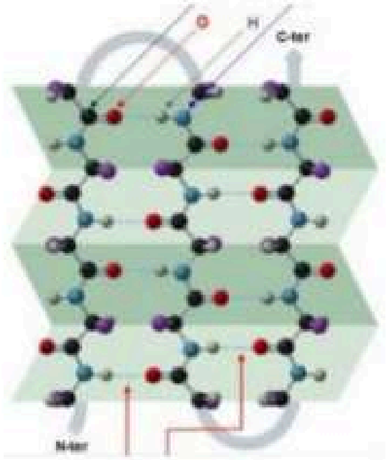
## Hélice alpha

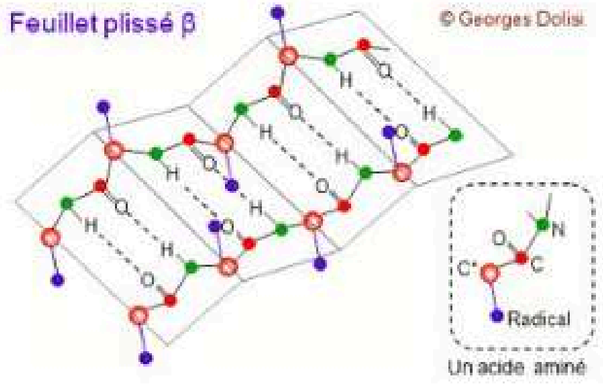






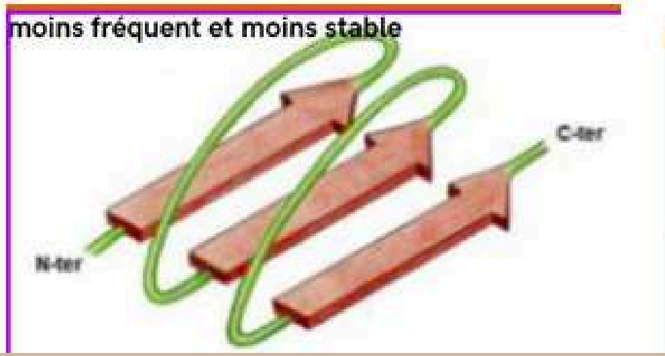
## Feuillet béta-plissé



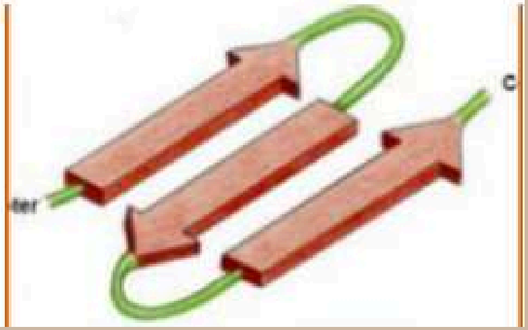




### Parallèle

moins fréquent et moins stable



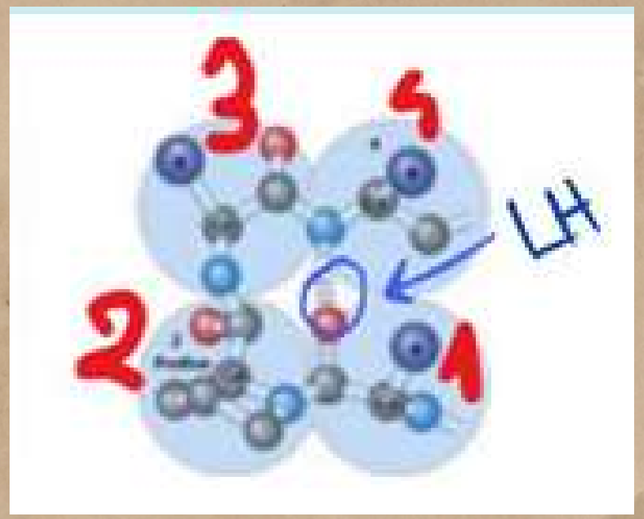

### Anti-parallèle



# LES MOTIFS NON RÉPÉTITIFS

## COUDES

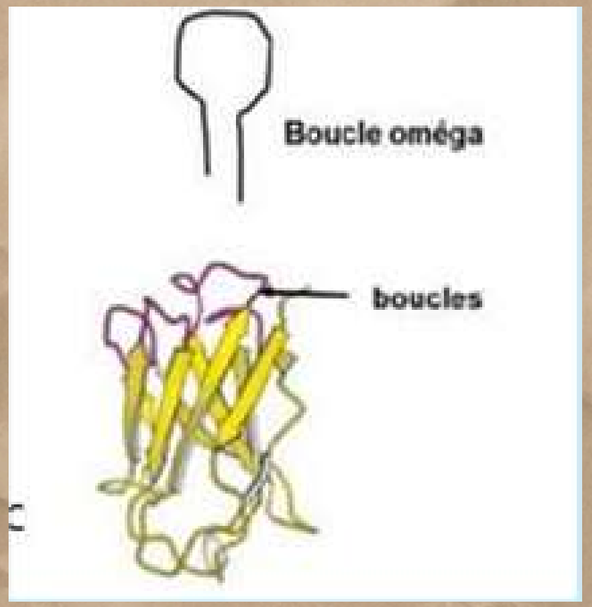
-En surface des protéines
-Changement de direction
-Dans les protéines globulaires (compactes), 1/3 des AA constituent les coudes
- Position 2 : Proline-Position 3 : Glycine
-Stabilisé par des liaisons H entre l'aa 1 et 4.




## Boucles

-Ressemble au coude mais en + long et structure moins définie
- En surface et donc participent intéractions avec autres protéines





# STRUCTURE TERTIAIRE

• Niveau énergétique le + faible (donc thermodynamiquement favorable)
• Non linéaire
• Stabilisée par des liaisons covalentes et non covalentes
• Indispensable pour que la protéine soit fonctionnelle
• Protéines fibreuses (= en bâtonnets) : kératine alpha, collagène
• Protéines globulaires : myoglobine



# STABILISATION DE LA STRUCTURE TERTIAIRE

## Liasons hydrophobes

indépendante pH

énergie moyenne

## Liaisons hydrogènes

dépendante du pH

faible énergie

## Liaisons ioniques

dépendante du pH

faible énergie

## Ponts disulfures

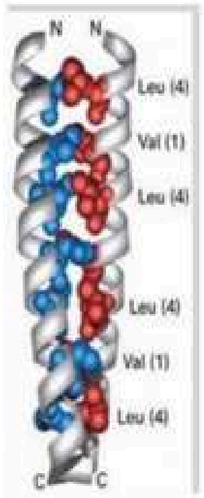
Forte énergie

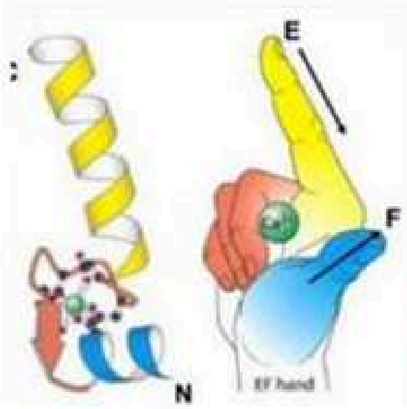
diminue la flexibilité de la protéine

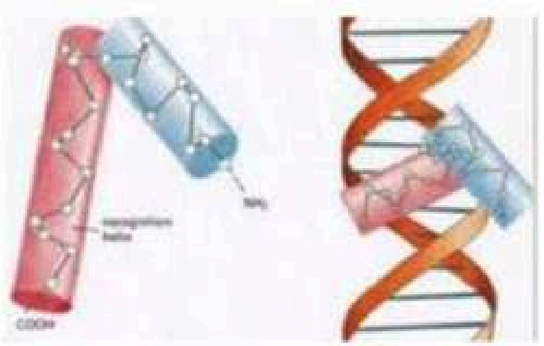


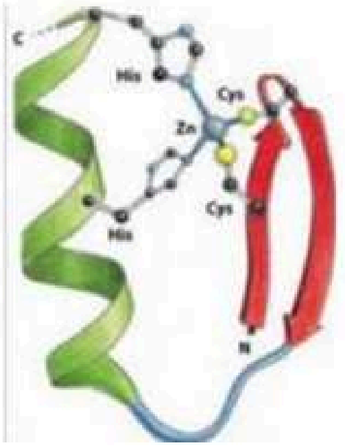
# Les motifs et domaines de la structure tertiaire

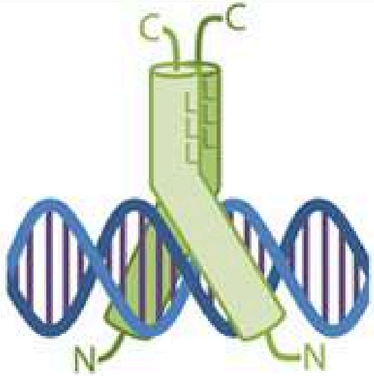
| Le motif coiled coil (hélices torsadées) | Le motif hélice-Boucle-hélice | Le motif hélice-coude-hélice | Le motif doigt de Zinc (Zinc finger ) | Le domaine bZIP |
|---|---|---|---|---|
| - Protéines fibreuses<br>- Protéines qui lient l'ADN<br>- Répétition 7 AA hydrophobes dont Val, Ala, Méthio | - Protéines qui fixent le Calcium<br>- Facteurs de transcription<br>- Ex : la Calmoduline = 4 motifs hélice-boucle-hélice | - Liaison de l'ADN, présent dans certains facteurs de transcription | - Protéines qui lient ADN et ARN<br>- Ion zinc maintenu en position par 2 résidus cystéine et 2 résidus histidine | - protéines eucaryotes de liaison à l'ADN<br>- La région C-terminale contient la partie avec la leucine zipper |





# DÉNATURATION DES PROTÉINES

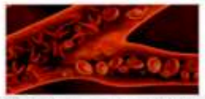
- Processus physique qui détruit les structures secondaires, tertiaires et quaternaires

-> 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

# ALTÉRATION DE LA STRUCTURE 3D DES PROTÉINES :

Deux raisons principales sont à la base de la **conformation anormale** ou du **repliement erroné** des protéines :

| Les anomalies de structure primaire suite à une **mutation d'un Aa** | Dysfonctionnement des **protéines d'assemblage** |
|---|---|
| Peut modifier la structure et la fonction de la protéine qui peut se retrouver altérée.<br>**Exemple : La drépanocytose**<br><br>Le glutamate en position 6 de la chaîne béta de l'HbA (hémoglobine A) est muté en une Valine.<br>Glutamate-> Valine<br>L'**HbA** est remplacée en **HbS**. Le problème c'est que l'HbS (forme désoxygénée de l'Hb polymérise facilement ce qui provoque **une déformation** des **érythrocytes en faucille** (HbS pour Sickle=faucille), les rendant fragiles et peut engendrer une obstruction des capillaires sanguins.<br> | Dans de nombreuses **maladies neurodégénératives**, le cerveau contient des dépôts d'agrégats protéiques insolubles ou extracellulaire avec un rôle pathogène probable.<br>**Exemples** :<br>Maladie d'Alzheimer : peptide A béta<br>Maladie de Parkinson : alpha-synucléine<br>Maladie de Creutzfeld-Jacob : protéine à prion |

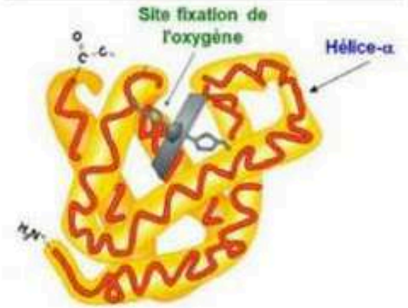
# STRUCTURE QUATERNAIRE :

• Dernier **niveau de structuration** des protéines
• C'est un assemblage, ou oligomérisation, de 2 ou **plusieurs chaines polypeptidiques**. On considère chaque chaine comme une sous-unité.
- chaines identiques : homo-oligomérisation
- chaines différentes : hétéro-oligomérisation
**moitié** protéines forme quaternaire dont :
- **2/3** sous forme homomère
- **1/3** sous forme hétéromère

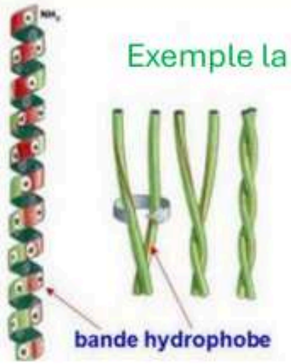
# 2 GRANDES FAMILLES DE PROTÉINES :

| Protéines globulaires | Protéines fibrillaires |
|---|---|
| - Structure compacte<br>- Forme sphérique<br>- Résidus hydrophiles à l'extérieur<br>- Résidus hydrophobes à l'intérieur<br>- Fonction de synthèse, transport + implication dans le métabolisme cellulaire<br>- Composition variable | - Forme longue semblables à des fibres<br>- Composition: riches en hélice alpha ou feuillet béta<br>- Toutes les protéines fibrillaires sont **insolubles** dans l'eau |

Exemple la Myoglobine




Exemple la Kératine



# QCM TIMEEE

A) C’est à partir de la structure secondaire que la protéine acquière sa fonction

B) Les liaisons peptidiques sont des liaisons faibles

C)Le feuillet bêta anti-parallèle est plus fréquent que le parallèle

D) La structure primaire d’une protéine est non thermodynamiquement favorable

# CORRECTION

A) C’est à partir de la structure tsecondaire que la protéine acquière sa fonction

B) Les liaisons peptidiques sont des liaisons faibles

C)Le feuillet bêta anti-parallèle est plus fréquent que le parallèle

D)La structure primaire d’une protéine est non thermodynamiquement favorable

# QCM TIMEEE

A) Toutes les protéines ont une structure quaternaire

B) La structure secondaire permet la fonction de la protéine

C) La structure primaire est ordonnée, unique et dépend du code génétique

D) L’hélice alpha et le feuillet béta font partie de la structure secondaire

# CORRECTION

A) Toutes les protéines ont une structure quaternaire

B) La structure tertiaire permet à toutes les protéines de réaliser leur fonction.

C) La structure primaire est ordonnée, unique et dépend du code génétique

D) L’hélice alpha et le feuillet béta font partie de la structure secondaire

# QCM TIMEEE

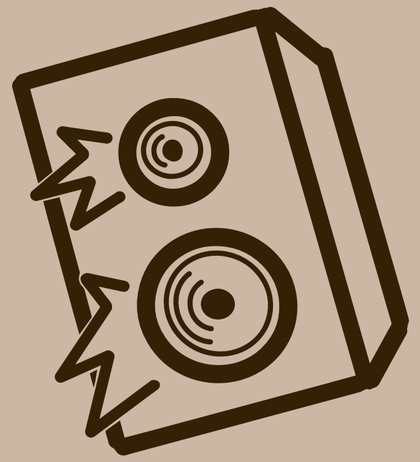
A) Il se forme une liaison amine appelée liaison peptidique entre le groupe carboxylate et le groupe amine de deux acides aminés

B) En général la liaison peptidique est en CIS

C) Les  particularités de la liaison peptidique sont : caractéristique partielle d’une double liaison; rigidité de la liaison ; absence de charge mais présence de polarité

D) Un peptide se lit dans le sens C-Terminal vers le N-Terminal





# CORRECTION

A) Il se forme une liaison amine appelée liaison peptidique entre le groupe carboxylate et le groupe amine de deux acides aminés

B) En général la liaison peptidique est en CIS

C) Les  particularités de la liaison peptidique sont : caractéristique partielle d’une double liaison; rigidité de la liaison ; absence de charge mais présence de polarité

D) Un peptide se lit dans le sens C-Terminal vers le N-Terminal





