

Série de TD n°2 (Acides aminés et Protéines)

— Corrigé —

Exo 1 :

Acide aminé	Cram	Fischer
Leucine (Leu)		
Sérine (Ser)		

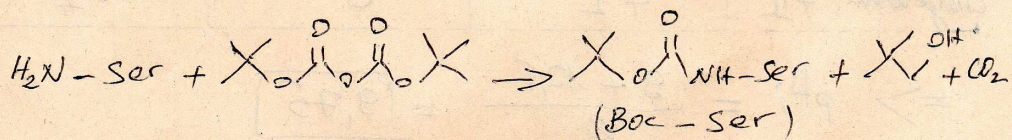
2) Oui, les deux sont chiraux.

Ils appartiennent à la série L (-NH_2 orienté à gauche dans leurs représentations de Fischer).

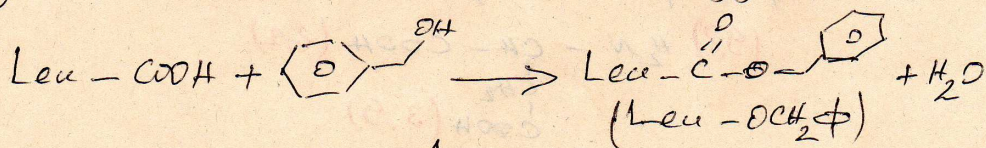
3) 04 dipeptides.

4) Synthèse du dipeptide : Ser-Leu.

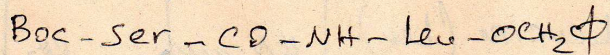
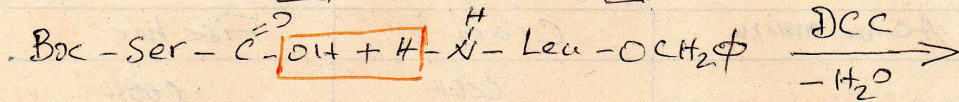
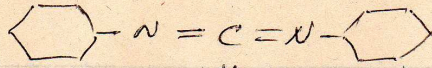
⊗ Etape 1 : Protection de la fonction amine de Ser :
groupe protecteur : tert-butoxycarbone.



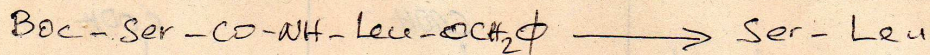
⊗ Etape 2 : Protection de la fonction acide de Leu :
groupe protecteur : Alcool benzylique.



⊗ Etape 3: Couplage à l'aide de DCC.
 DCC (Dicyclohexylcarbodiimide): Agent de couplage.



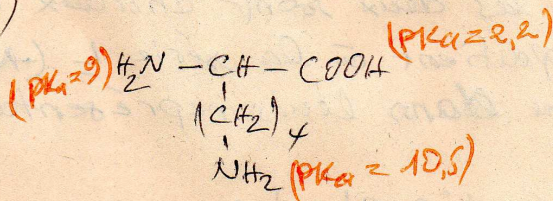
⊗ Etape 4: Déprotection.



Exo 2:

1/ Calcul de pHi de Lys et Asp

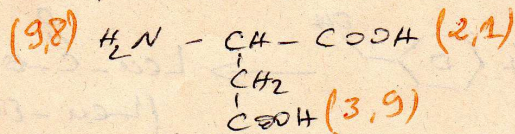
⊗ Lysine (Lys)

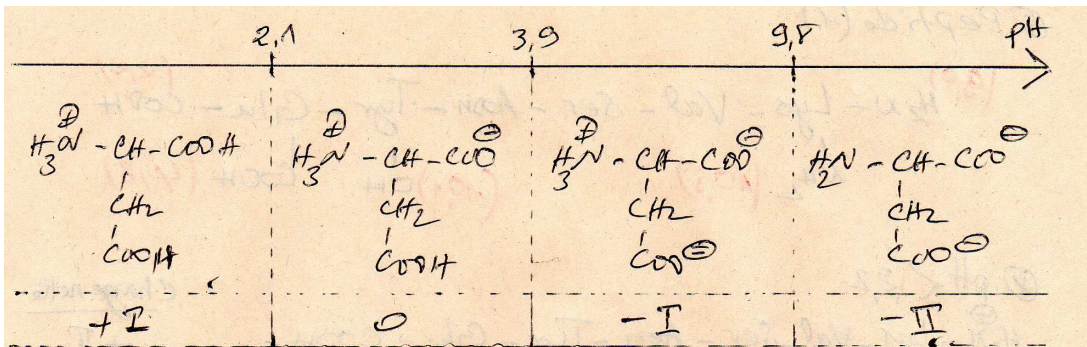


	2,2	9,0	10,5	pH
Structure	$\text{H}_3\text{N}^{\oplus} - \text{CH} - \text{COOH}$ $(\text{CH}_2)_4$ NH_3^{\oplus}	$\text{H}_3\text{N}^{\oplus} - \text{CH} - \text{COO}^{\ominus}$ $(\text{CH}_2)_4$ NH_3^{\oplus}	$\text{H}_2\text{N} - \text{CH} - \text{COO}^{\ominus}$ $(\text{CH}_2)_4$ NH_3^{\oplus}	$\text{H}_2\text{N} - \text{CH} - \text{COO}^{\ominus}$ $(\text{CH}_2)_4$ NH_2
Charge totale	+II	+I	0	-I

$$\Rightarrow \text{pHi} = \frac{3 + 10,5}{2} = \boxed{9,75}$$

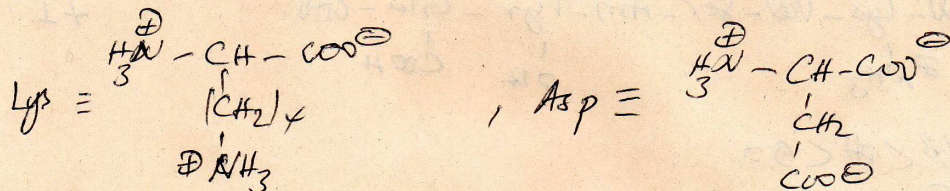
⊗ Acide aspartique (ou aspartate): (Asp)





$$\Rightarrow \text{pH}_i = \frac{2,1 + 3,9}{2} = \boxed{3,0}$$

2) A pH 7,0, les deux AA seront chargés comme suit.

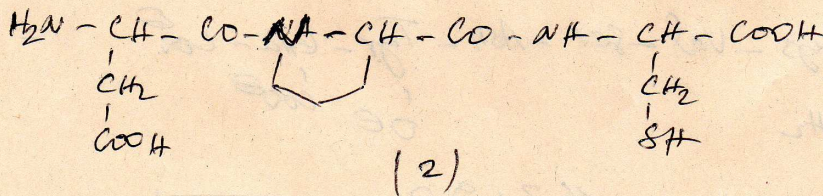
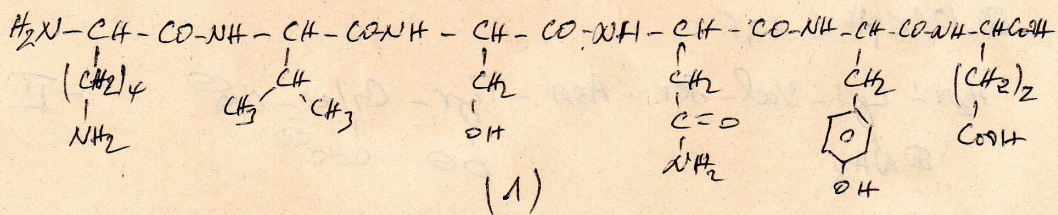


A pH 7,0 :

⊕ Lys présente un caractère acide/base cationique
⊖ Asp = = = = anionique

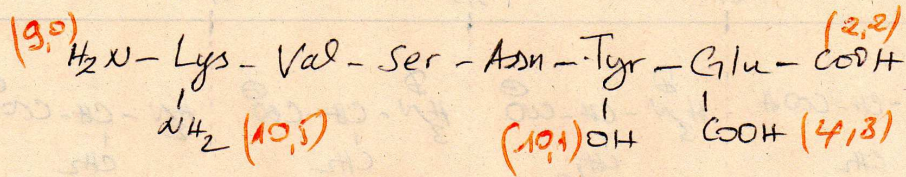
Exo 3 :

1) Les formules chimiques des deux peptides.

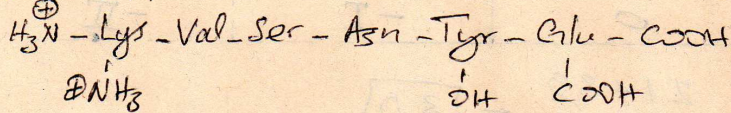


2) Etude la variation de la charge nette des deux peptides en fonction du pH.

⊕ Peptide (-1)

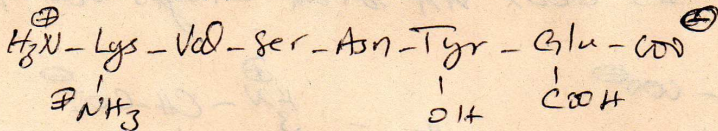


⊕ pH < 2.2



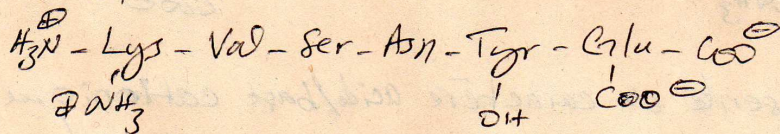
Charge netto
+II

⊕ 2.2 < pH < 4.3



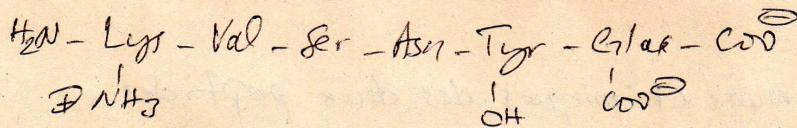
+I

⊕ 4.3 < pH < 9.0



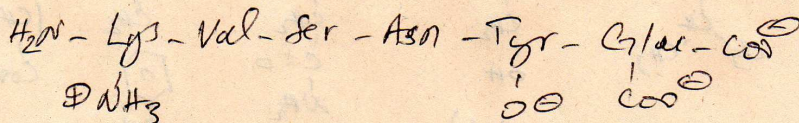
0

⊕ 9.0 < pH < 10.1



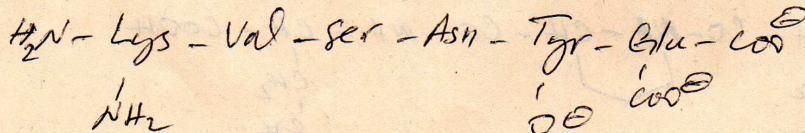
-I

⊕ 10.1 < pH < 10.5



-II

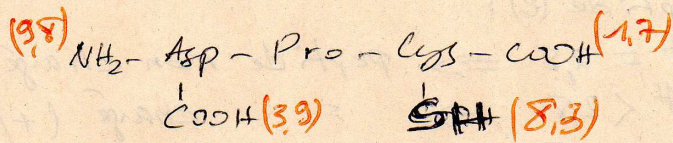
⊕ pH > 10.5



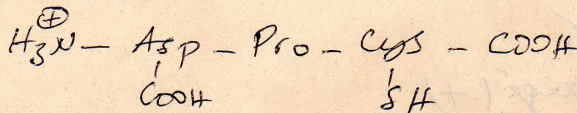
-III

Donc
$$\text{pH}_i = \frac{4.3 + 9.0}{2} = \boxed{6.65}$$

⊗ Peptide (2):

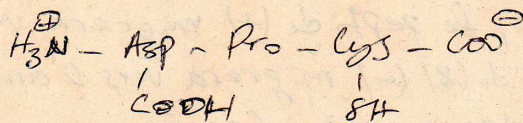


⊗ pH ~~1.7~~



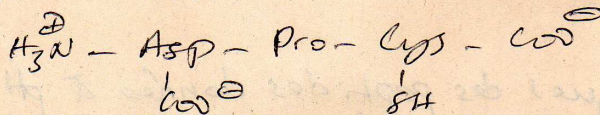
charge nette
+I

⊗ $1.7 < \text{pH} < 3.9$



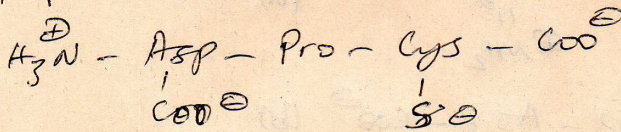
0

⊗ $3.9 < \text{pH} < 8.3$



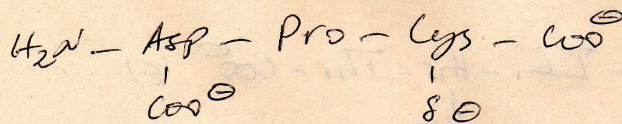
-I

⊗ $8.3 < \text{pH} < 9.8$



-II

⊗ pH > 9.8



-III

Donc, $\text{pH}_i = \frac{1.7 + 3.9}{2} = \boxed{2.8}$

3/ pH de séparation des peptides (1) et (2) par la technique d'électrophorèse.

⊗ peptide (1):

pH = 6,65 \Rightarrow peptide non chargé (0)

pH < 6,65 \Rightarrow s charge (+)

pH > 6,65 \Rightarrow s (-)

F + W + M - G - A - K - L - P - M - D - G - R - C - A - E

Exo 6 :

1/ Chaque tour de l'hélice α est constituée de 3,6 résidus (AA)

L'hélice contient 8 tours

Donc, Nombre de résidus = $3,6 \times 8 = \boxed{28,8 \text{ résidus}}$

2/ Longueur de l'hélice α (L)

$L = \text{Nombre d'AA} \times \text{la translation (ou pas)}$

$$L = 28,8 \times 0,15 \text{ nm}$$

$$\boxed{L = 4,32 \text{ nm}}$$

3/ Masse molaire de l'hélice α (M)

$M = \text{Nombre d'AA} \times \text{masse molaire d'un AA}$

$$M = 28,8 \times 110$$

$$\boxed{M = 3168 \text{ g/mol}}$$

Exo 7

1/ 5' - GTACCGTTCTGACGGTACATC - 3'

1. Brin complémentaire

3' - CATGGCAAGCTGCTGCCATGTAG - 5'

2/ Le brin est constitué de 20 nucléotides \Rightarrow

$$\begin{aligned} \text{On a } (20-1) \times 2 &= 19 \times 2 \text{ liaisons phosphodiester} \\ &= 38 \end{aligned}$$

3/ Nombre de liaisons H :

On a : A \equiv T (2 liaisons H)

C \equiv G (3 " " " ")

$$\text{Donc, } 9 \times 2 + 11 \times 3 = 51 \text{ liaisons H}$$

4/ L'association des deux brins est maintenue par des liaisons H entre les bases.

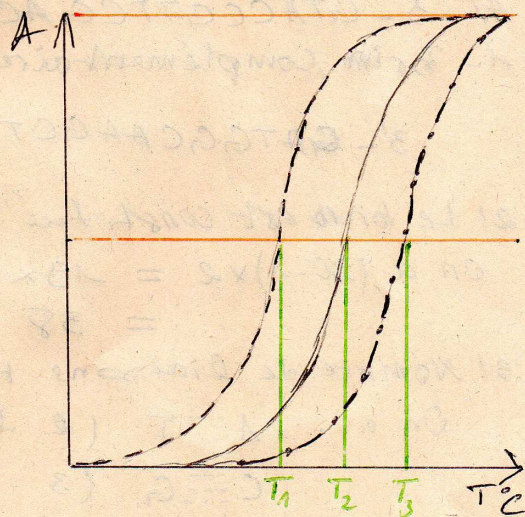
5/ ADN $\xrightarrow[\text{chauffage}]{\text{Après}}$ ADN dénaturé (séparation des deux chaînes)

B1 1/ Augmentation de l'absorbance en fonction de T°
L'ADN absorbe à 260 nm grâce à ses bases A, T, C et G.
Cette bande d'absorption correspond aux transitions $\pi \rightarrow \pi^*$ dans les bases puriques et pyrimidiques.
L'ADN dans sa forme native (double brins) absorbe moins par nucléotide à 260 nm que la forme dénaturée. Sous l'effet de la chaleur, l'ADN double brins est transformé en deux simples brins, en rompant les liaisons H entre les bases nucléiques des deux brins. Les bases libres sont plus exposées à la lumière UV que lorsqu'elles sont liées. Ceci entraîne une absorption plus élevée \Rightarrow c'est l'effet Hyperchrome

2/ Détermination des T_m° C.

La température de fusion de l'acide nucléique correspond à la température de dénaturation de 50% des molécules d'ADN

$$\begin{aligned} T_1 &= 73^{\circ}\text{C} \\ T_2 &= 78^{\circ}\text{C} \\ T_3 &= 82^{\circ}\text{C} \end{aligned}$$



3/ Pourcentages des bases GC des molécules 1, 2 et 3
On sait que la température de fusion de l'ADN est proportionnelle au nombre de liaisons H.
Tel que, plus le nombre de liaisons H est élevé, plus la température de fusion est grande.

Or, entre les bases C et G on compte 3

liaisons H : $C \equiv G$

Par contre, entre A et T on a deux liaisons

H : $A = T$.

Il faut donc plus de chaleur pour rompre les 3 liaisons H des paires de bases $C \equiv G$ que les 2 liaisons H des paires de bases $A = T$

Il est clair dans ce cas que :

$$T_1 < T_2 < T_3.$$

Donc,

$$C \equiv G(1\%) < C \equiv G(2\%) < C \equiv G(3\%).$$

— Fin —