

UNIVERSITE LARBI BEN MHIDI OUMEL BOUAGHI
FACULTE DES SCIENCES EXACTES ET SCIENCES DE LA NATURE ET DE LA VIE
2EME ANNEE LMD SB ET BTV

corrige type

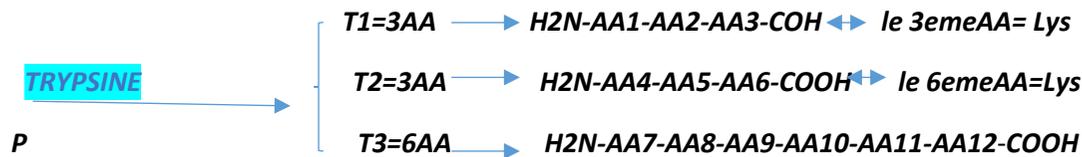
-peptide P est constitué de 12 AA

P : H₂N-AA1-AA2-AA3-AA4-AA5-AA6-AA7-AA8-AA9-AA10-AA11-AA12-COOH

Lys et Asp sont les seuls AA chargés

Hydrolyse acide : aucun AA aromatique → il y a la possibilité de destruction du Trp

1-Action de la trypsin : coupe du C-ter (après) de l'Arg ou Lys ; (d'après les données, ce peptide contient que la Lys)

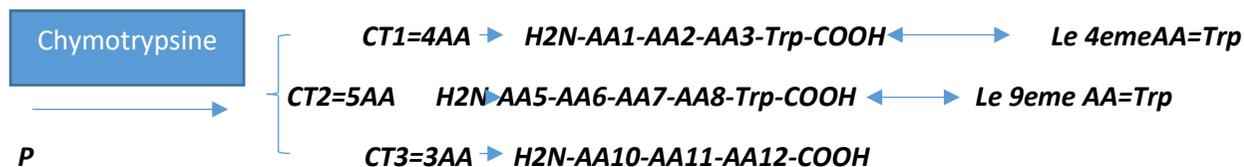


Donne dans l'ordre à partir de l'extrémité N-ter : T1=3AA ; T2=3AA ; T3=6AA

Remarque il faut placer chaque AA trouvé dans la chaîne

P=H₂N-AA1-AA2-Lys-AA4-AA5-Lys-AA7-AA8-AA9-AA10-AA11-AA12-COOH

2-Chymotrypsine agit après Phe, Trp, et Tyr sauf ici d'après les données il n'y a pas d'AA aromatiques, donc la Trp est détruit par l'action du HCl (hydrolyse acide)

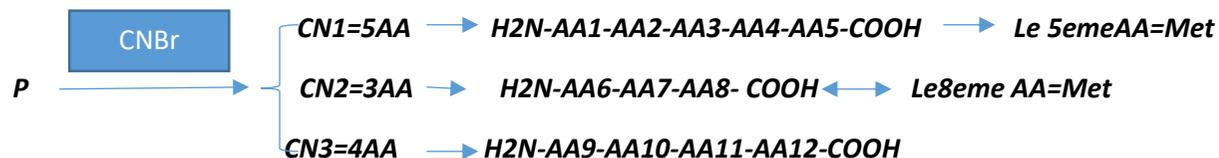


Donne l'ordre à partir de l'extrémité N-ter : CT1=4AA ; CT2=5AA ; CT3=3AA

On place des acides aminés trouvés dans la chaîne P

P=H₂N-AA1-AA2-Lys-Trp-AA5-Lys-AA7-AA8-Trp-AA10-AA11-AA12-COOH

3-CNBr : coupe après la méthionine



CNBr

P → donne dans l'ordre à partir de l'extrémité N-ter : CN1=5AA ; CN2=3AA ; CN3=4AA

On place les AA trouvés dans la chaîne P

P=H2N-AA1-AA2-Lys-Trp-Met-Lys-AA7-Met-Trp-AA10-AA11-AA12-COOH

4-Sa protéase : coupe après Asp

Sa protéase

P →

SP1=7AA → H2N-AA1-AA2-AA3-AA4-AA5-AA6-AA7-COOH ↔ Le 7^{ème} AA=Asp

SP2=3AA → H2N-AA8-AA9-AA10-COOH ↔ Le 9^{ème} AA=Asp

2AAlibres → H2N-AA11et AA12-COOH ↔ Le 11^{ème} AA=Asp

Sa protéase

P → donne dans l'ordre à partir de l'extrémité N-ter SP1=7AA ; SP2=3AA ; 2AAlibres

On place les AA trouvés dans la chaîne P

P= H2N-AA1-AA2-Lys-Trp-Met-Lys-Asp-Met-Trp-Asp-Asp-AA12-COOH

5-Réactif d'Edman : donne AA puis PTH-Ala du côté N-ter donc H2N-AA1-Ala-COOH ↔

Ala est le 2^{ème} AA

P=H2N-AA1-Ala-Lys-Trp-Met-Lys-Asp-Met-Trp-Asp-Asp-AA12-COOH

6-Chlorure de dansyl donne Dansyl-Gly, donc la Gly est le 1^{er} AA ; On place les AA trouvés dans la chaîne

P=H2N-Gly-Ala-Lys-Trp-Met-Lys-Asp-Met-Trp-Asp-Asp-AA12-COOH

7- Carboxypeptidase : donne un acide aminé non chiral(Gly), donc le dernier AA est la Gly ; On place

les AA trouvés dans la chaîne P=H2N-Gly-Ala-Lys-Trp-Met-Lys-Asp-Met-Trp-Asp-Asp-Gly-COOH

8-D'après les données T3 est CT3 ont la même extrémité N-ter

T3=H2N-Asp

CT3=H2N-Asp } donc le 11^{ème} AA est Asp

On peut déduire la séquence finale suivante :

P=H2N-Gly-Ala-Lys-Trp-Met-Lys-Asp-Met-Trp-Asp-Asp-Gly-COOH

EXERCICE N°2

Tetrapeptide : hydrolyse totale donne 4 acides aminés : Gly, Ala, Val, Leu

DNP ou méthode de Sanger donne tripeptide +Alanine ↔ Ala est le 1^{er} AA ↔ H2N-Ala

Tripeptide traité par hydrazine ou carboxypeptidase donne Gly ↔ Gly-COOH +Dipeptide

Tetrapeptide : H2N-Ala-AA2-AA3-Gly-COOH

-Dipeptide sous l'action du PITC ou réactif d'Edman donne VAL Donc Val est le 2^{ème} AA après Ala

La séquence de ce tetrapeptide est H2N-Ala-Val-Leu-Gly-COOH

EXERCICE N°3 : P-H2N-Gly-Ala-Tyr-Arg-Cys-Leu-COOH