

2ème Année

**Corrigé type :**

**Exo.1 :**

Ecrire la formule de la **Glycine** ( $pH_i = 5,97$ ) aux pH suivants: 1; 5,97 et 11.

Réponse :

pH = 1,0	pH = 5,97	pH = 11
$\begin{array}{c} \text{COOH} \\   \\ ^+\text{H}_3\text{N}-\text{C}-\text{H} \\   \\ \text{H} \end{array}$ <p>Forme cationique</p>	$\begin{array}{c} \text{COO}^- \\   \\ ^+\text{H}_3\text{N}-\text{C}-\text{H} \\   \\ \text{H} \end{array}$ <p>Forme Zwitterion</p>	$\begin{array}{c} \text{COO}^- \\   \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{H} \\   \\ \text{H} \end{array}$ <p>Forme anionique</p>

**Exo. 2 :**

Acide Aminé	pHi	Charge selon le pH			
		1,0	3,0	7,6	10
Ala	$(pK_a + pK_b)/2 = 6,015$	+	+	-	-
Glu	$(pK_a + pK_r)/2 = 3,22$	+	0	-	2 -
Lys	$(pK_b + pK_r)/2 = 9,74$	2 +	+	+	0
His	$(pK_b + pK_r)/2 = 7,585$	2 +	+	0	-

**Exo.3 :**

A pH 6, l'acide aminé

- Alanine aura une charge neutre (0)
- Thréonine, de même (charge neutre)
- Aspartate (acide aspartique) aura une charge négative
- Lysine aura une charge positive

Ainsi :

- Ala et Thr vont restés au voisinage du dépôt = ne migrent pas.
- L'acide Asp avec une charge négative va migrer vers l'anode.
- Lys avec une charge positive va migrer vers la cathode.

**Exo. 4 :**

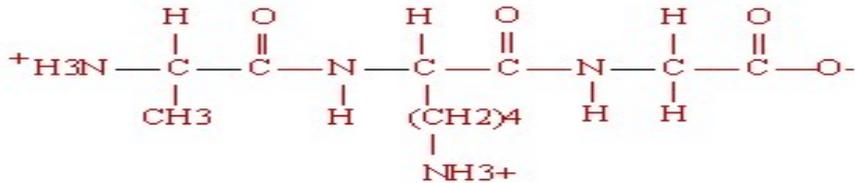
- Une résine échangeuse de cations (+) est chargée négativement, ceci implique que les acides aminés doivent avoir une charge positive pour qu'ils puissent être échangés, donc on doit travailler à un pH acide et on augmente le pH progressivement.
- A pH acide : les acides aminés sont sous forme de cations (+) donc ils sont retenus par la résine, en augmentant le pH, le premier aa élué est celui qui possède le pHi le plus faible.
- L'ordre d'éluion : selon la charge des acides aminés : c'est-à-dire dans l'ordre croissant de leur pHi.

2<sup>ème</sup> Année

- Asp, Glu, Tyr, Ala, Lys et enfin Arg.
- On doit augmenter progressivement le pH en ajoutant par exemple une base forte telle que la soude (NaOH).

**Exercice n°5.**

La structure développée de ce tripeptide est la suivante :



3. les autres possibilités

- Ala-Gly-Lys
- Lys-Ala-Gly
- Lys-Gly-Ala
- Gly-Ala-Lys
- Gly-Lys-Ala

**Exercice n°6.**

Tétra peptide = A-B-C-D

1<sup>ère</sup> étape :  $A-B-C-D + \text{DNFB} \xrightarrow[6N]{\text{HCl}} \text{DNP-Val} + B + C + D$   
 Donc A=Val

2<sup>ème</sup> étape :  $A-B-C-D + \text{trypsine} \longrightarrow A-B + C-D$   
 Donc B= Lys ou Arg

3<sup>ème</sup> étape : réduction de la fonction carboxylique « C<sub>i</sub> » par  $\text{LiBH}_4$  [borohydrure de lithium ; qui aboutit à la formation de l'alcool α-amine] du 2<sup>ème</sup> fragment.

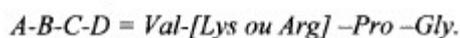
$$\begin{array}{c}
 \text{H} \quad \text{H} \\
 | \quad | \\
 \text{C} - \text{D} + \text{LiBH}_4 \longrightarrow \text{C} - \text{NH} - \text{C} - \text{COH} \\
 | \quad | \\
 \text{H} \quad \text{OH}
 \end{array}$$

Donc D = Gly

4<sup>ème</sup> étape : dans le même fragment (C-D) un acide aminé donnant un produit coloré en jaune par la ninhydrine.

Donc C = Pro

Séquence résultante :



**Exercice n°7 :**

- 1) C'est un pentapeptide 5 aa, 2 Gly, Leu, Phe et Tyr.
- 2) Cela veut dire que le Tyr est le résidu N-terminal
- 3) La chymotrypsine coupe la liaison peptidique après les résidus aromatiques (Trp, Tyr, Phe)  
 Cela veut dire que le peptide à la structure suivante  
**Tyr-Gly-Gly-Phe-Leu**

2ème Année

**Exercice n°8 :**

Structure d'un antibiotique (peptide) isolé d'une bactérie.

1. Ce peptide est formé de cinq types d'acides aminés : Leu, Orn, Phe, Pro, Val
2. Le poids moléculaire du peptide P est 1200, le poids moyen d'un acide aminé libre est de 128. L'établissement d'une liaison peptidique implique la perte d'une molécule d'eau, c-à-d, 18. Donc la masse moléculaire moyenne d'un résidu d'acide aminé est 110.

Ainsi on peut déduire le nombre d'aa :

$$1200/110 = 10\text{aa.}$$

Donc le peptide P est un oligopeptide avec 10 aa (deux de chaque type).

- On utilisant la carboxypeptidase C (c'est une exopeptidase, c.-à-d. une enzyme qui coupe la liaison peptidique établie par le résidu C-terminal, cette réaction est utilisée généralement pour déterminer l'aa en position C-terminal « extrémité droite de la chaîne peptidique), nous n'avons observé aucune réaction, cela veut dire que la chaîne peptidique ne possède pas d'extrémité C-terminal, autrement dit il est possible qu'elle ait une structure cyclique ou semi-cyclique.
- La réaction avec le FDNB (pour déterminer le résidu N-terminal) a donné un dérivé DNP-Orn, dont l'ornithine est complexé par le DNP au niveau du groupe NH<sub>2</sub> de sa chaîne latérale (autre que la fonction alpha amine) ce qui confirme encore la nature cyclique de la chaîne peptidique.
- L'hydrolyse partielle (ménagée) du peptide P a donné les fragments de peptide suivants : Leu-Phe; Phe-Pro; Phe-Pro-Val; Val-Orn-Leu; Orn-Leu; Val-Orn; Pro-Val-Orn.

À partir des fragments ci-dessus on peut déduire la structure du peptide initial, qui sera la suivante :

On cherche d'abord les chevauchements possibles qui existent entre ces différents fragments :

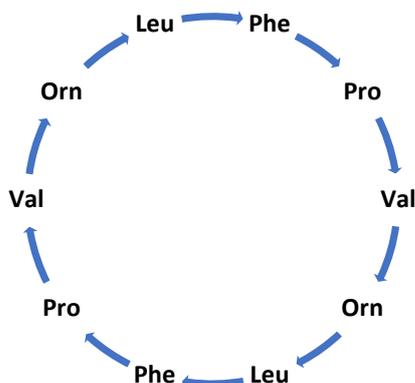
```

Orn-Leu
  Leu-Phe
    Phe-Pro
      Phe-Pro-Val
        Pro-Val-Orn
          Val-Orn
            Val-Orn-Leu
  
```

---

Orn-Leu-Phe-Pro-Val-Orn-Leu-Phe-Pro-Val

Cependant du fait que la chaîne est cyclique, la représentation correcte sera la suivante :



2ème Année

- Cette structure contient vraiment 5 types d'acides aminés
- Elle renferme 10 acides aminés
- Elle ne possède pas d'extrémité C-terminal.
- Elle ne possède non plus d'extrémité N-terminal, la raison pour laquelle la FDNB a réagi avec la fonction NH<sub>2</sub> libre de la chaîne latérale de l'ornithine au lieu des alpha-amines.

**Exercice n°9.**

- Une hélice  $\alpha$  droite se caractérise par son pas (un tour complet) qui correspond à 3,6 aa et 0,54 nm ou 5,4 °A.

Donc, Chaque 5,4 °A correspond à 3,6 aa autrement dit, correspond à (3,6x110) Da.

Donc, le poids moléculaire de cette hélice égal :

30

$$PM = \text{-----} \times 3,6 \times 110 = 2200 \text{ Da.}$$

5,4

- Le nombre de tours qu'elle fait cette hélice  
Chaque tour correspond à 5,4 °A  
Donc cette hélice fait  $(30/5,4) = 5,5$  tours (5 tours complets)

Dans une hélice les chaînes latérales de résidus d'aa pointent toujours vers la droite ou la gauche de façon perpendiculaire à l'axe longitudinal de l'hélice.

