

LES PROTEINES.

CHO et N. + S ou P.

Macro-molécules soit de constitution (structure) soit de fonctionnement (enzymes)

Il résulte de la spécificité biologique (ambigües).

Ensemble de π diverses.

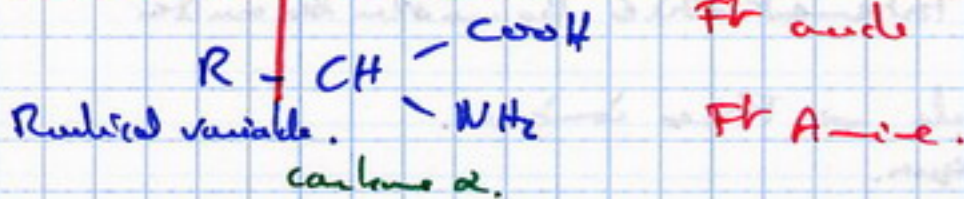
En masse de la α animaux 60 à 80% de poids sec.

π \rightarrow exclusivement d'Acide Amino non ramifiés.
linéaires

I les Acides Amino.

A) Caractéristiques générales.

Partie variable. Partie fixe.



\pm exception: la proline.

20 radicaux variables utilisés par la α

Conformation de la molécule.

Carbone α asymétrique.



2 stéréoisomères de classe A.A.



Molécule D D
Isomère L D

Isomère L L

De la nature seulement forme L

B) Les 20 A.A utilisés par la α

1) A.A à chaîne latérale non chargée.

Non chargés: par la liaison H avec l'eau \rightarrow Radicaux hydrophobes.

2) Les A.A à chaîne latérale à charge faible.

Charge S^+ ou $\text{S}^- \rightarrow \text{OH}, \text{SH}, \text{NH}_2$. Radicaux polaires:

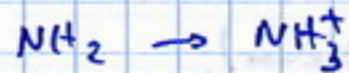
liaisons hydrogène avec l'eau \rightarrow hydrophiles.

3) les AA à chaîne latérale chargée. charge nette

a) Radicaux chargés \ominus = a.a. acides.



b) Radicaux chargés \oplus = a.a. basiques



La charge nette dépend du pH.

chargé \rightarrow soluble. Radical très réactif

Il existe d'autres AA de la II. Radicaux après incorporation.

c) Propriétés électriques de ces A.A.

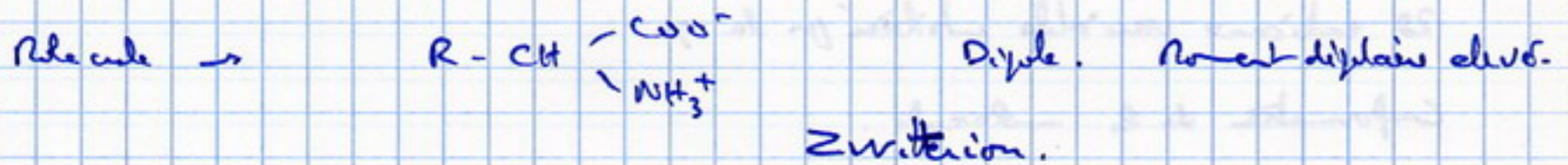
1) Les propriétés Acide - base des a.a.

Ces aa cristallisent à haut μ de fusion très élevée. (+ de 200°)

\rightarrow doublets très forts pour les reparer. Fortement attirés les uns vers les autres

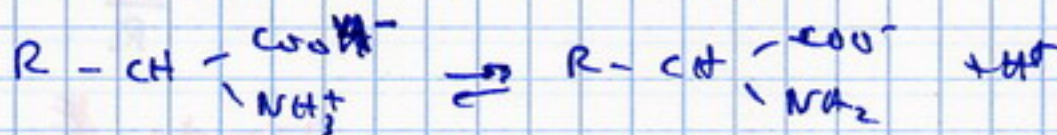
par des forces supérieures à Van der Waals \rightarrow Forces ioniques.
macroélectriques.

Molécules très solubles dans l'eau.

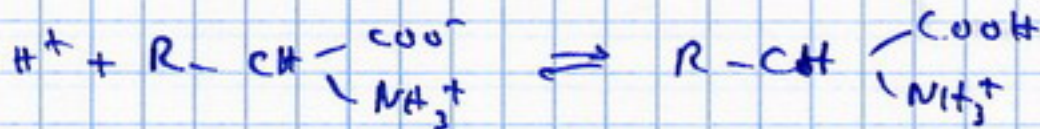


Conséquences: Propriétés Acide base.

Comportement Acide: libère un proton



Comportement basique



Corps amphotère $\begin{cases} \text{acide} \\ \text{base} \end{cases}$.

Aminoacides à chaînes latérales
non polaires.

Aminoacides avec chaînes latérales
polaires non chargées.

Aminoacides acides
(chargés négativement à pH 6,0)

Chaînes latérales	
Alanine Ala A PM 89	$\text{CH}_3-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Valine Val V PM 117	$\text{CH}(\text{CH}_3)_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Leucine Leu L PM 131	$\text{CH}(\text{CH}_3)_2-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Isoleucine Ile I PM 131	$\text{CH}(\text{CH}_3)-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Proline Pro P PM 115	
Phénylalanine Phe F PM 165	$\text{C}_6\text{H}_5-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Tryptophane Trp W PM 204	
Méthionine Met M PM 149	$\text{CH}_3-\text{S}-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$

Chaînes latérales	
Glycocolle Gly G PM 75	$\text{H}-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Sérine Ser S PM 105	$\text{HO}-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Thréonine Thr T PM 119	$\text{CH}_3-\text{CH}(\text{OH})-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Cystéine Cys C PM 121	$\text{HS}-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Tyrosine Tyr Y PM 181	$\text{HO}-\text{C}_6\text{H}_4-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Asparagine Asn N PM 132	$\text{NH}_2-\text{C}(=\text{O})-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Glutamine Gln Q PM 146	$\text{NH}_2-\text{C}(=\text{O})-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$

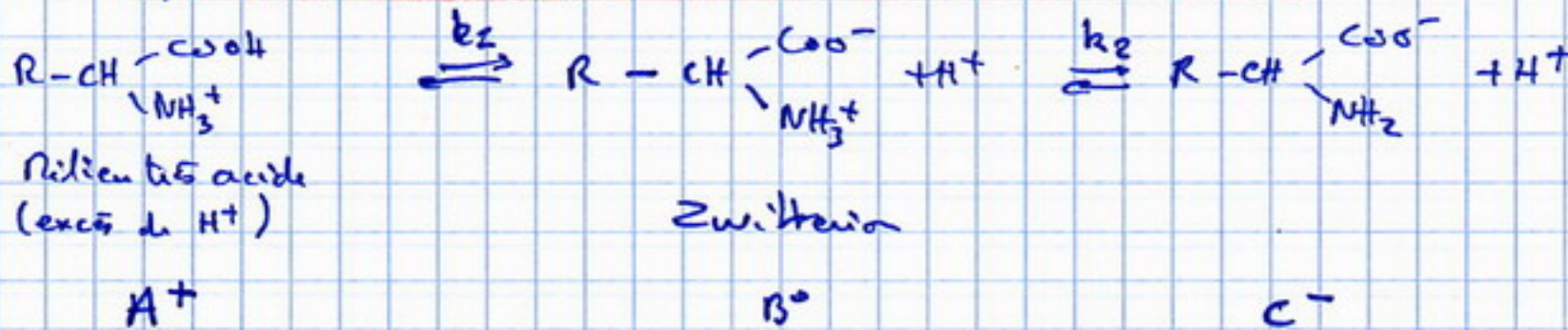
Chaînes latérales	
Acide aspartique Asp D PM 133	$\text{O}=\text{C}(\text{O}^-)-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Acide glutamique Glu E PM 147	$\text{O}=\text{C}(\text{O}^-)-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Aminoacides basiques (chargés positivement à pH 6,0)	
Chaînes latérales	
Lysine Lys K PM 146	$\text{H}_3\text{N}^+-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Arginine Arg R PM 174	$\text{H}_2\text{N}-\text{C}(=\text{NH}_2^+)-\text{NH}-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{CH}_2-\text{C}(\text{H})(\text{NH}_3^+)-\text{COO}^-$
Histidine (à pH 6,0) His H PM 155	

Les symboles à une ou trois lettres et les poids moléculaires (PM) sont aussi donnés. Les aminoacides sont représentés avec des groupements α -aminés et α -carboxylés ionisés, tels qu'ils apparaissent entre pH 6 et 7.

2) État des a.a en fct des pH.

titrations des a.a.

a) l'alanine: a.a. à deux latéraux non ionisables.



k: constante d'équilibre.

Combe double. → diacide.

2 zones tampon: pH de demi-titration.

Equilibre $[A^+] = [B^0]$

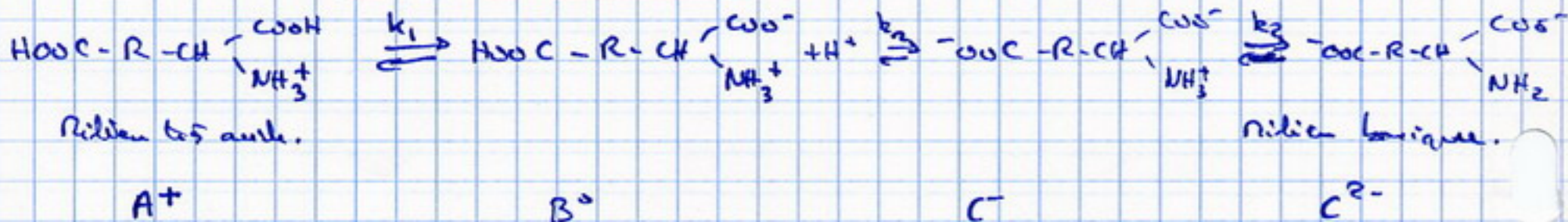
Zone tampon A.A ≠ pH sang.

pH_i: p_r isoelectrique: valeur du pH → Rayon de Debye est max dans Zwitterion

et $[A^+] = [C^-]$

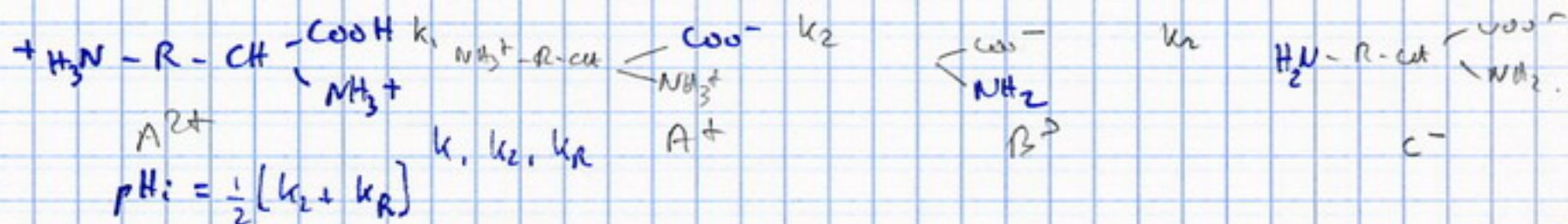
b) A.A à deux latéraux ionisables.

* A.A à deux latéraux acide: ex Acide glutamique



$$\text{pH}_i = \frac{1}{2} [\text{p}k_1 + \text{p}k_2]$$

* A.A à deux latéraux basique. ex Lysine.



DETERMINATION DE LA SEQUENCE DES ACIDES AMINES DANS UNE PROTEINE.

IV- IDENTIFICATION DES SEQUENCES EN ACIDES AMINES DES FRAGMENTS PEPTIDIQUES.

I- DETERMINATION DE LA COMPOSITION EN ACIDES AMINES.

On hydrolyse toutes les liaisons peptidiques et on analyse le mélange d'acides aminés obtenu, par chromatographie sur colonne échangeuse d'ions.

On connaît alors le nombre de chacun des acides aminés présent dans la protéine, mais on ne sait pas leur ordre d'enchaînement dans cette protéine.

II- IDENTIFICATION DES RESIDUS N ET C TERMINAUX.

A- RESIDU N TERMINAL.

- On utilise le 1 fluoro 2-4 dinitrobenzène, qui se fixe sur l'extrémité N terminale de la protéine sous forme d'un dérivé jaune 2-4 dinitrophénol.

- La protéine est alors hydrolysée. Par chromatographie les acides aminés sont séparés. L'acide aminé coloré en jaune est facilement repéré, et sa position sur le chromatographe indique sa nature. (On peut le récupérer pour l'analyser).

B- RESIDU C TERMINAL.

On utilise une enzyme la carboxypeptidase qui n'hydrolyse que l'extrémité C terminale de la protéine. Il faut expérimenter rapidement pour déterminer quel est le premier acide aminé libéré

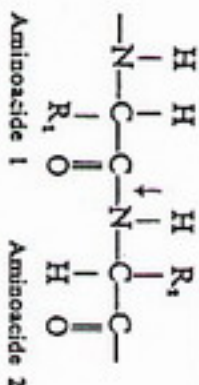
III - FRAGMENTATION DE LA CHAINE POLYPEPTIDIQUE.

La protéine est fragmentée en petites séquences de 10 à 15 acides aminés, et on détermine ensuite la séquence en acides aminés de ces petits fragments.

Plusieurs procédés chimiques ou enzymatiques peuvent être utilisés pour fragmenter la protéine. Ils sont tous spécifiques dans leur action.

Ex : Fragmentation par la trypsinine qui n'hydrolyse que les liaisons peptidiques dans lesquelles les groupements carboxyles sont fournis soit par la lysine soit par l'arginine. Les fragments sont ensuite séparés par chromatographie et on va essayer de déterminer la séquence de chacun d'eux.

Clivage spécifique des chaînes polypeptidiques



Méthode

Liaisons peptidiques scindées

Trypsine Aminoacide 1 = Lys ou Arg
 Chymotrypsine Aminoacide 1 = Phe Trp, ou Tyr
 Pepsine Aminoacide 1 = Phe, Trp, Tyr, autres
 Thermolysine Aminoacide 2 = Leu, Ile ou Val
 Bromure de cyanogène Aminoacide 1 = Met

Cette identification est faite par la méthode de dégradation d'EDMANN. Cette méthode permet, de marquer, et de ne retirer que le résidu N terminal du peptide, laissant toutes les autres liaisons intactes. Le réactif utilisé (le phénylisocyanate) se combine à la fonction alpha amine libre du résidu N terminal. Le traitement à froid du peptide avec de l'acide dilué retire le résidu N terminal fixé au réactif. Ce complexe est isolé et l'acide aminé qui y participe est identifié. Le reste de la chaîne qui est demeurée intacte réagit à nouveau avec le réactif et un nouveau cycle de manipulation est nécessaire pour isoler le nouvel acide aminé terminal. Par éliminations successives du résidu N terminal on détermine l'ordre des acides aminés des petits polypeptides.

V- CLIVAGE DE LA PROTEINE D'ORIGINE PAR UN AUTRE PROCEDURE.

Par la manipulation précédente on connaît les séquences en acides aminés des petits polypeptides mais on ne connaît pas l'ordre d'enchaînement des polypeptides entre eux.

On recommence alors les opérations III et IV mais en utilisant un produit de coupure différent, coupant la protéine initiale en des points différents. On peut par exemple utiliser le bromure de cyanogène qui ne coupe que la liaison peptidique dont le groupement carboxyle impliqué est celui de la méthionine. On obtient une deuxième série de séquençage de polypeptides.

VI- DETERMINATION DE L'ORDRE DES ACIDES AMINES DANS LA PROTEINE PAR CHEVAUCHEMENT DES FRAGMENTS PEPTIDIQUES.

On va établir la continuité des séquences des acides aminés en déterminant les zones de chevauchement entre les deux séries de polypeptides obtenus. Il s'agit là d'un exercice purement intellectuel (et ludique).

-R- Il est parfois nécessaire d'effectuer 3 clivages de la protéine initiale par trois procédés différents pour obtenir la succession des acides aminés dans la protéine.

Ex : Une protéine est constituée de 16 a.a.

Le résidu N terminal est H.
 Le résidu C terminal est S.

Un premier clivage donne 5 petits polypeptides dont on détermine la séquence :
 PS
 EOYE
 RLA
 HOWT

OJJS

PS

EOYE

RLA

HOWT

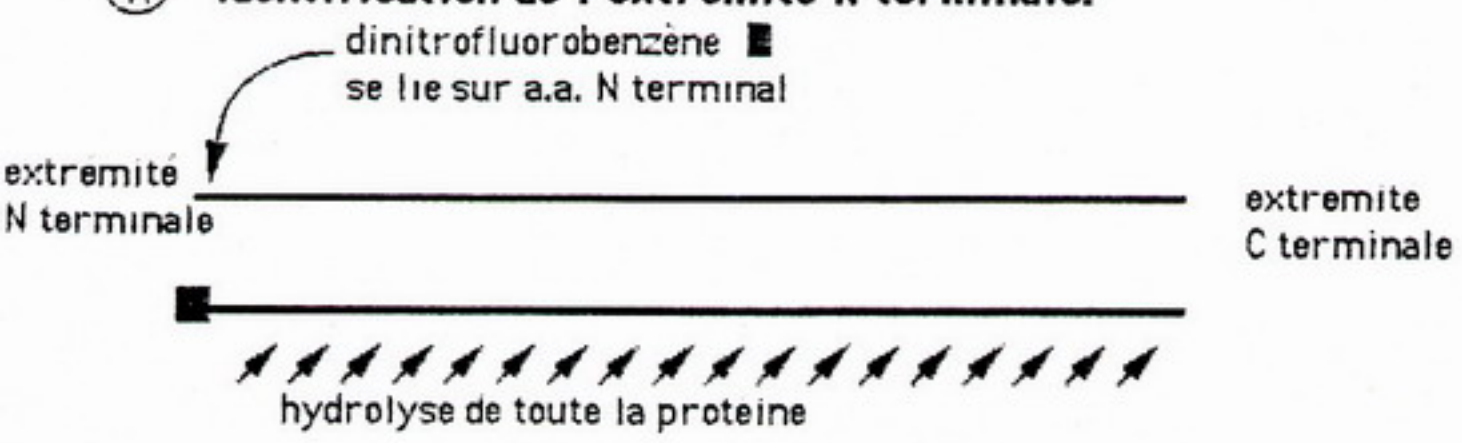
Un deuxième clivage donne 5 petits polypeptides différents, de séquences :
 SEO
 MTOU
 VERL
 APS
 HO

Quelle est la séquence des a. a. constituant cette protéine ?

Tous se chevauchent

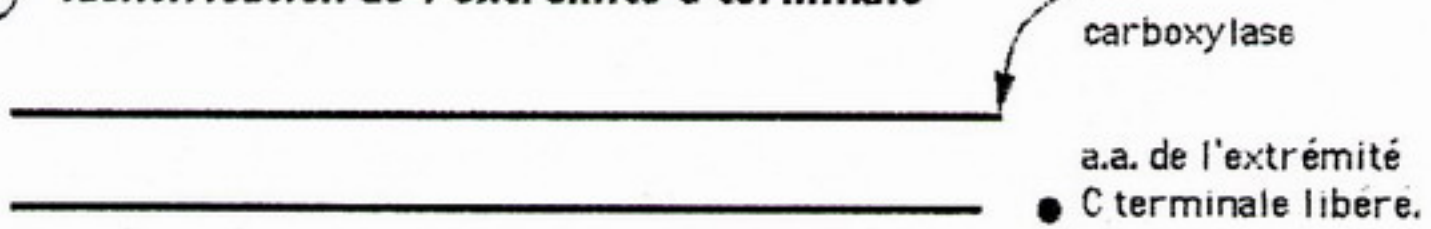
II - détermination des a.a. des deux extrémités.

(A) Identification de l'extrémité N terminale.

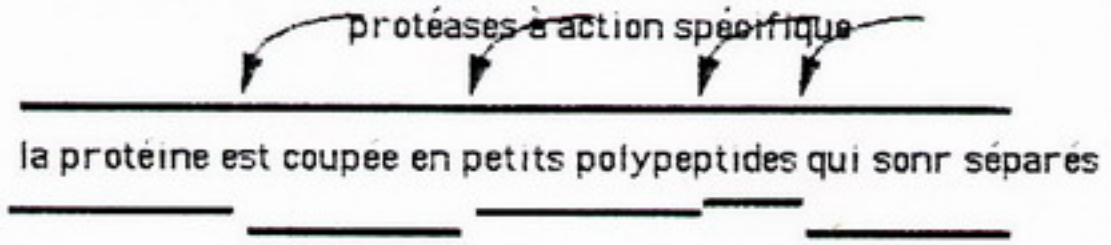


resultat
 tous les a.a. sont separees et le premier est facilement identifie

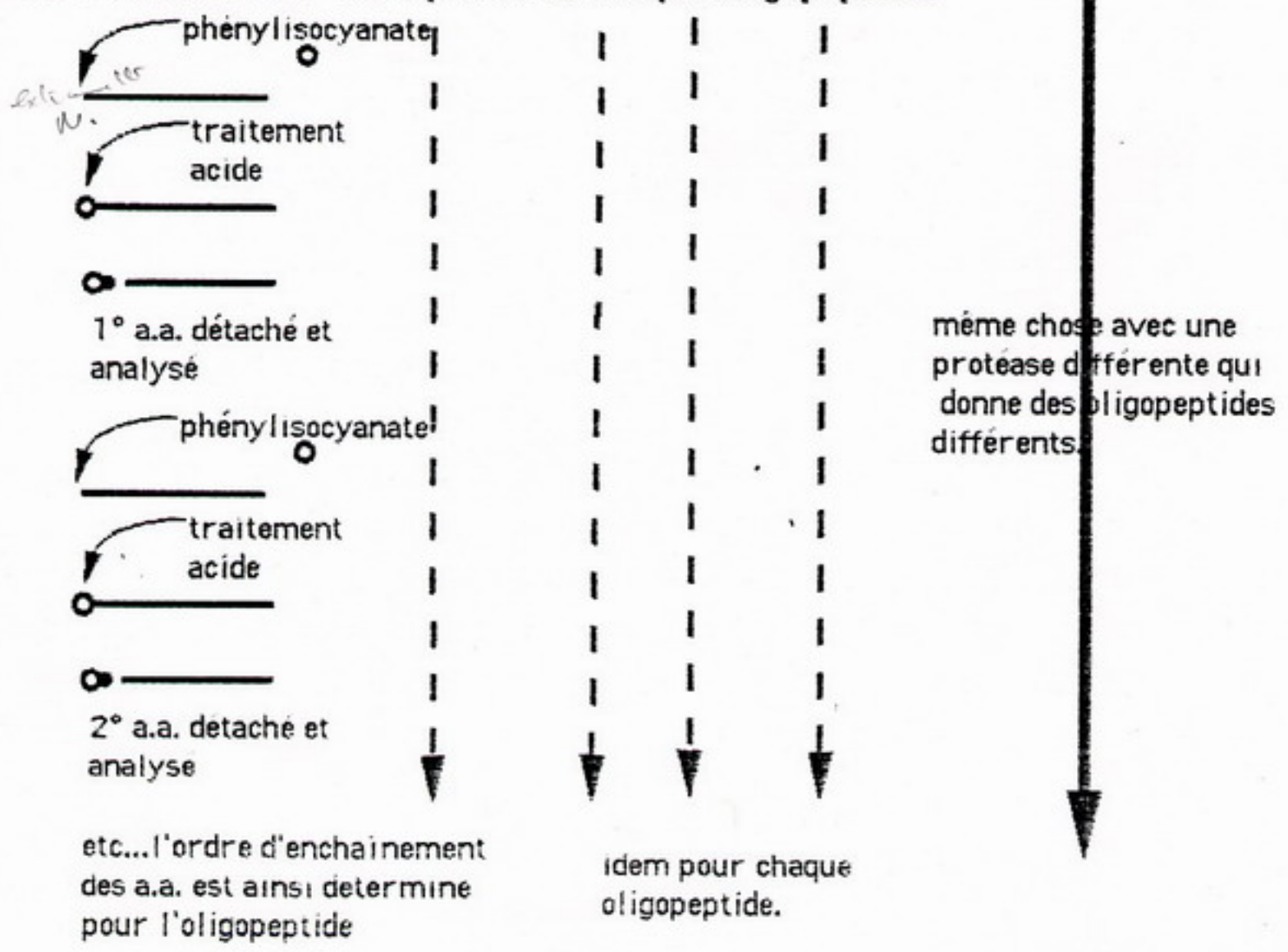
(B) Identification de l'extrémité C terminale



III - découpage de la protéine en oligopeptides



IV - détermination de la séquence de chaque oligopeptide.



3) Interact pratique du pHi

On peut connaître la charge de l'A.A. à pt du pH.

Si $pH < pHi \rightarrow aa^+$ cation.

Si $pH > pHi \rightarrow aa^-$ anion.

Si $pH = pHi \rightarrow aa^0$

e) Séparation des a.a.

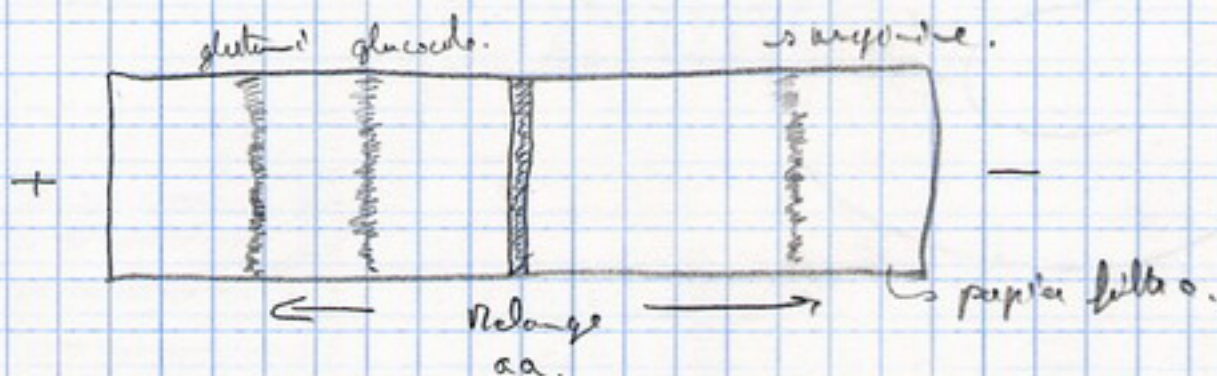
* Par électrophorèse

Ex. Solution d'a.a. à pH 8,6

- glycocolle $pHi = 6,1$ \ominus

- glutamine $pHi = 5,65$ \ominus

- arginine $pHi = 10,28$ \oplus

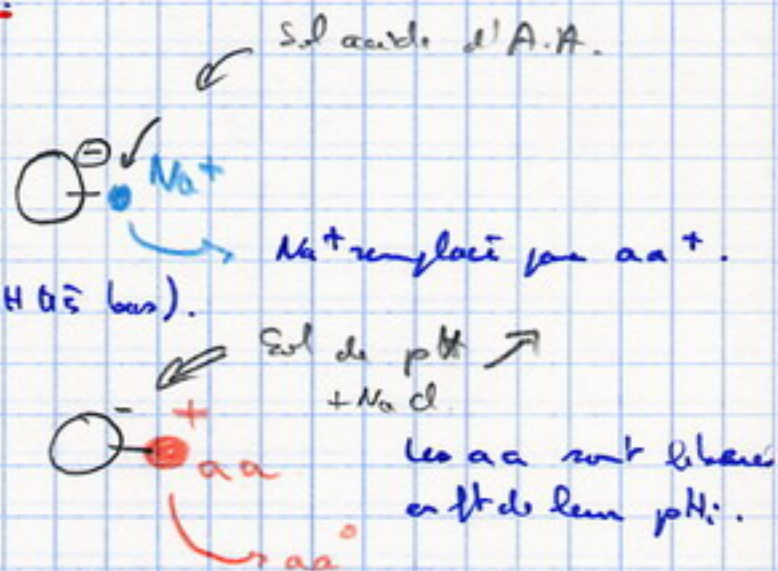


* Par chromatographie échangeuse d'ions.



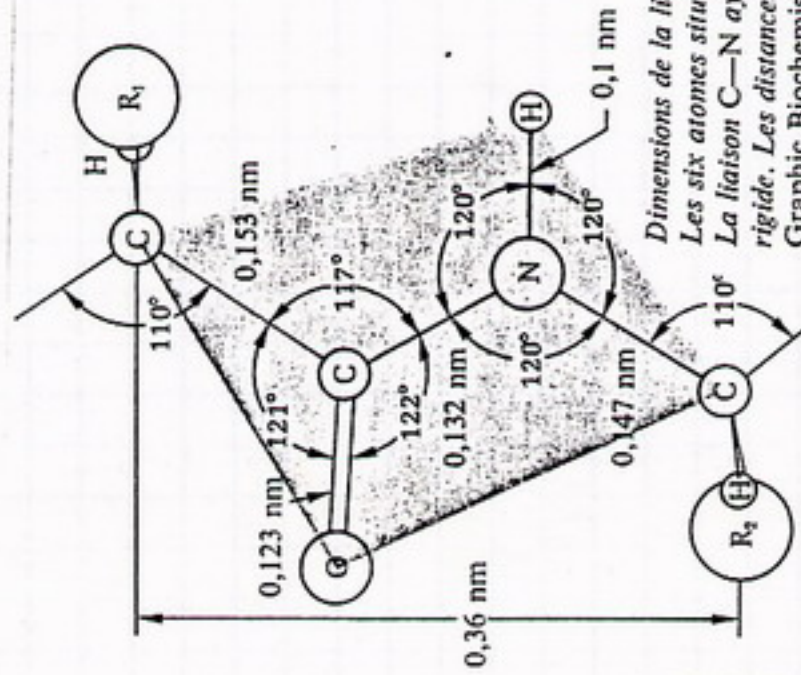
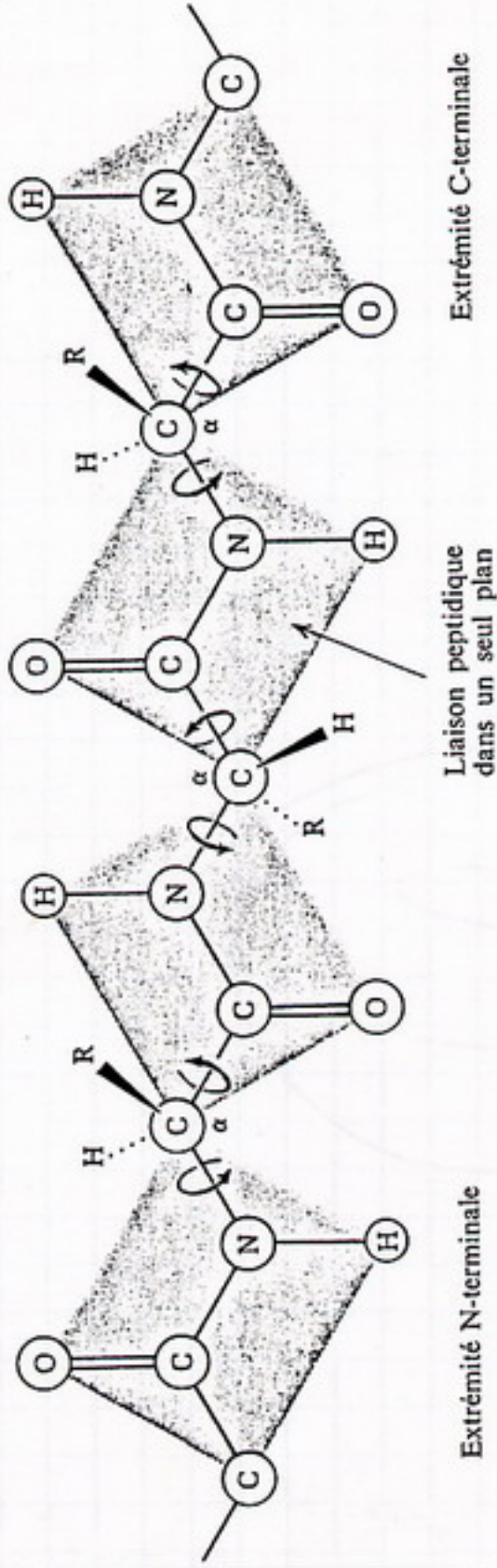
résine alkydène sulfonée.
équilibre par de NaOH.

On verse une sol acide d'A.A. (pH très bas).
 $\rightarrow aa^+$



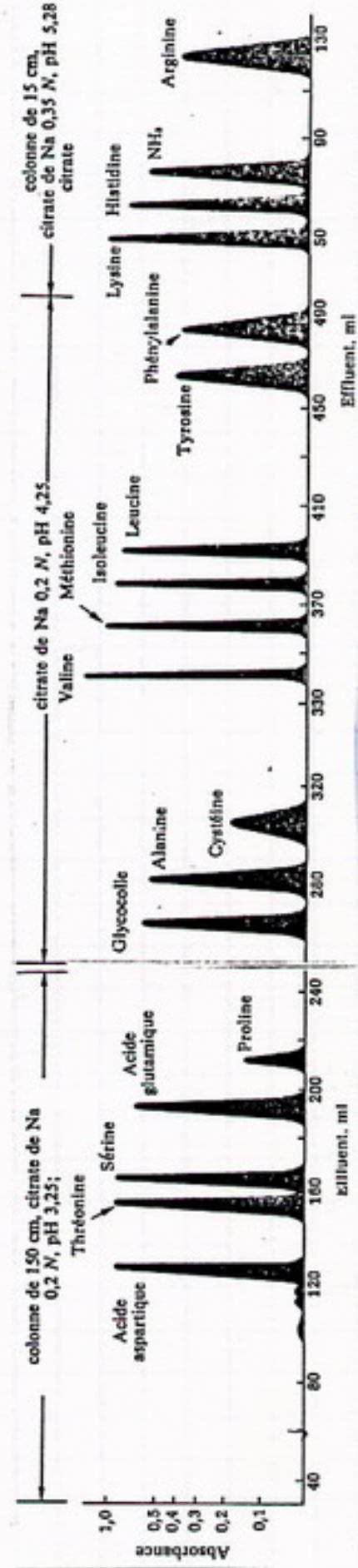
Ces procédés sont chimiquement automatisés : Sol \rightarrow composition donnée. | qualitative / quantitative.

Limitation de la rotation des liaisons simples de la chaîne polypeptidique.
Seules les liaisons simples des atomes de carbone α peuvent tourner librement; les liaisons simples C-N dans le plan de la liaison peptidique sont rigides.



Dimensions de la liaison peptidique obtenues par des études aux rayons X.
Les six atomes situés dans la zone ombrée sont dans un même plan.
La liaison C-N ayant les caractères d'une double liaison, ce plan est rigide. Les distances sont données en nanomètres (d'après T. P. Bennett, Graphic Biochemistry, vol. 1, The Mac-Millan Company, New York, 1968).

Analyse automatique par chromatographie des aminoacides sur une résine échangeuse d'ions. L'élution est réalisée avec différents tampons de pH croissant. L'effluent est recueilli par petites fractions et le contenu en aminoacide de chaque tube est automatiquement analysé. La surface de chaque pic est proportionnelle à la concentration de chaque aminoacide dans le mélange. [D'après D.H. Spackman, W.H. Stein et S. Moore, Anal. Chem., 30 : 1190 (1958).]



D) Autres propriétés des A.A.

→ Coloration à la ninhydrine. (oxydant fort → decarboxylation oxydative)
coloration pompe intense si beaucoup a.a.
essenti dosage par spectrophotométrie.
Ry le maline - l'est pas coloré en pompe → coloration jaune.

2) Absorption de UV par acides a.a.

Donc ceux qui possèdent un noyau aromatique.

utilisé pour le dosage des π .

(K)

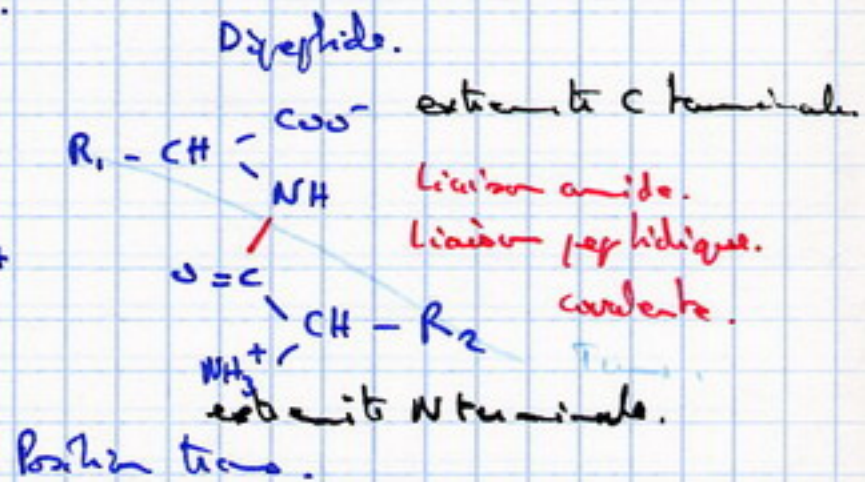
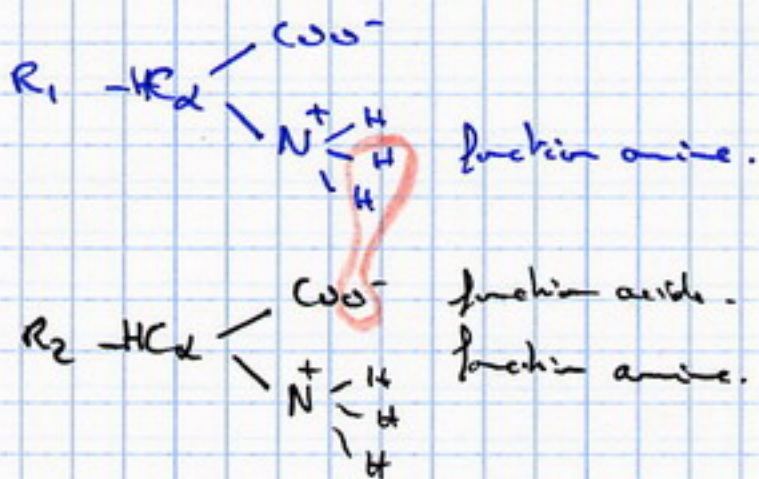
ϵ^+ amine (acide).
Rendement variable...

Zwitterion en solution. $\text{charge} = f(\text{pH})$.

II) Structure primaire des π .

A) l'endossement des a.a: liaison peptidique.

liaison entre H^+ amide et H^- amine d'un acide.



* Caractéristiques de la liaison peptidique: Pauling et Corey.

Etude des molécules par diffraction au rayon X.

Principe: Sur les molécules on envoie des rayons X → déviés par les groupements atomiques
cristallines
on examine les images de diffraction → résolution des gpts atomiques des L/acides.

La liaison peptidique est plus courte qu'une liaison amide normale.

Interaction entre liaison simple et double (longueur).

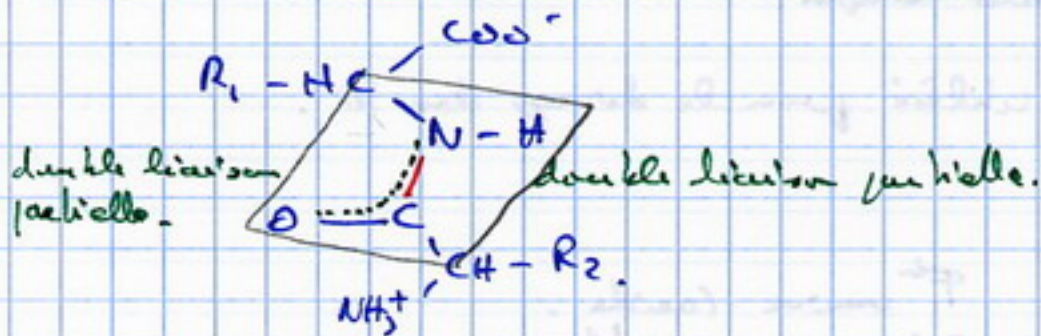
Liaison + stable qu'une liaison simple classique

Rayon $X \rightarrow \begin{matrix} N-H \\ \parallel \\ O=C \end{matrix}$ coplanaires.


Longueur de la liaison $C=O$ + longue qu'une double liaison classique.

Liaison $C=O$ et $C-N$ caractérisées à l'égard des 2 types. (Simple / double)

Le e^- $C=O$ délocalisés entre C et N .



* Conséquences de cette structure. $N-H$ ne peut plus s'ioniser.

Atomes coplanaires,  et la liaison entre C et N ne peut tourner.

$\pi \rightarrow$ amine Cx , Amine, acide.

B) Représentation de la structure primaire d'une α .

= ordre des A.A. de cette α .

Structure linéaire ou ramifiée.

III) Conformation tridimensionnelle des π - Structures d'ordre supérieur.

A) Structure secondaire.

1) Structure en hélice α .

2 Keratine α . (deuxième) molécule de structure insoluble

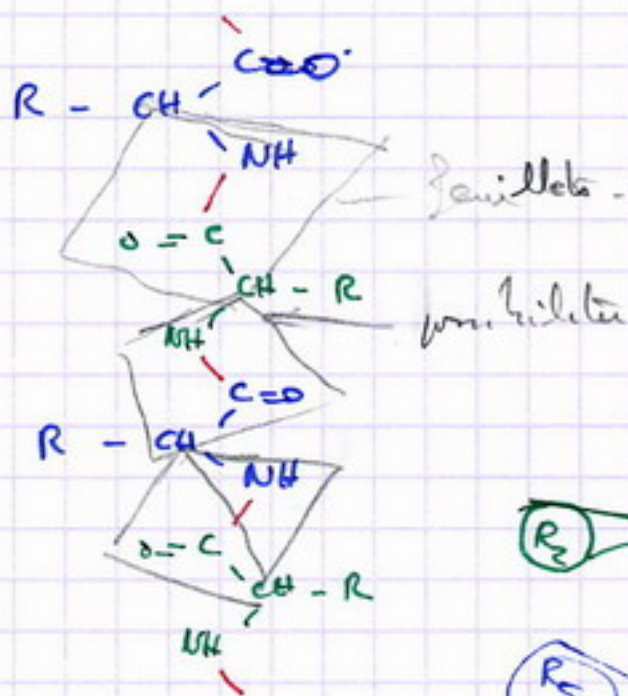
peu de beaucoup de système de SA.

a) Observation au rayon X.

Molécule chimie, linéaire. Périodicité de structure: ≈ 5 à $0,55 \text{ nm}$.

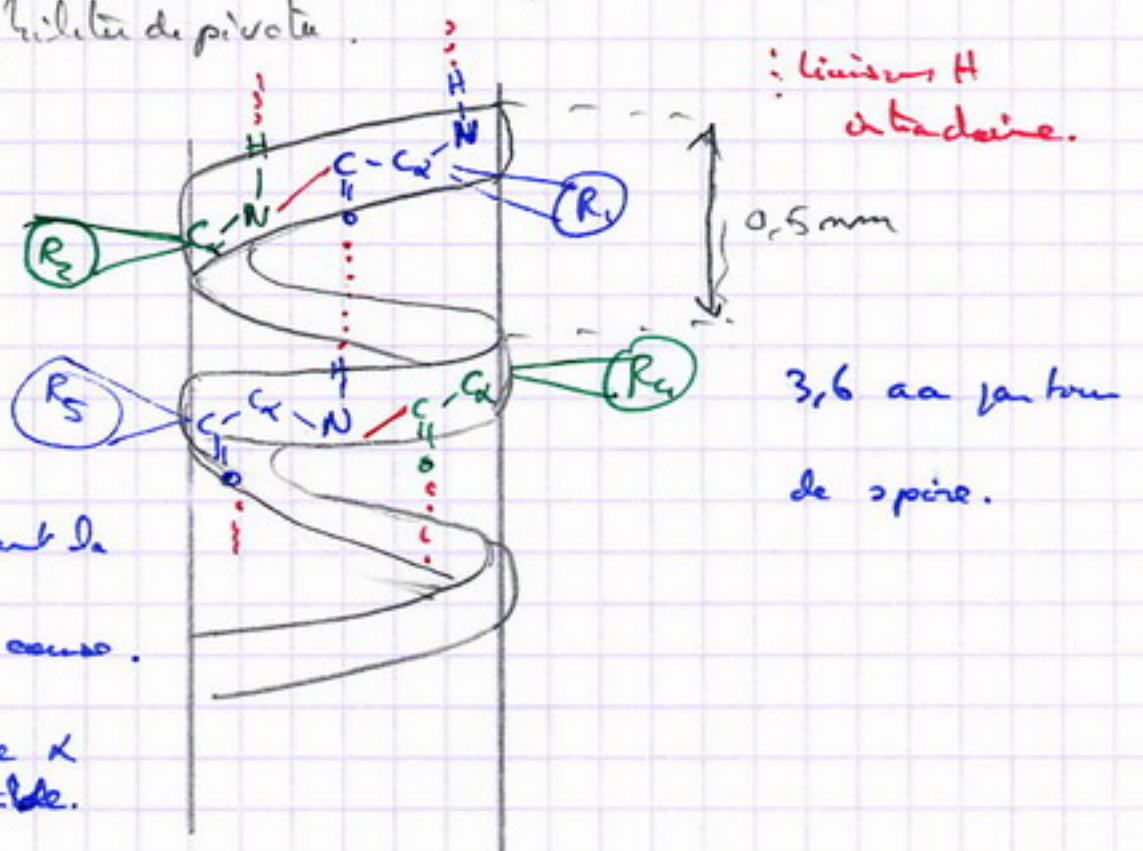
b) Modèle de Pauling et Corey

Intègre la périodicité et les caractéristiques de la liaison peptidique.



Structure hélice α .

Tous les plans tournés de la même manière.



Liens H
à l'intérieur.

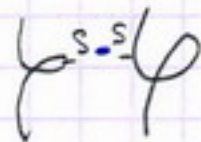
$0,5 \text{ nm}$

$3,6$ aa par tour
de spirale.

Les liaisons inter-déterminent la structure mais n'en sont pas la cause.

Facile mais en même temps hélice α stable.

Re Keratine α : les molécules hélicoïdales sont groupées par 3 ou par 5, et sont liées entre elles par des liaisons pont disulfure.



C) Conditions de l'existence de l'hélice α .

Seules ces tiges π sont en hélice α .

La poline s'entrelace - est en hélice α .

\Rightarrow radicaux.

L'hélice α ne peut exister si les radicaux sont trop volumineux ou s'il y a des interactions e^- entre les radicaux. ($-$ charges).

Si ces radicaux sont hydrophiles les α est soluble. (Keratine).

Si il sont chargés \rightarrow α soluble.

Structure en hélice α \rightarrow direction, \rightarrow positive.

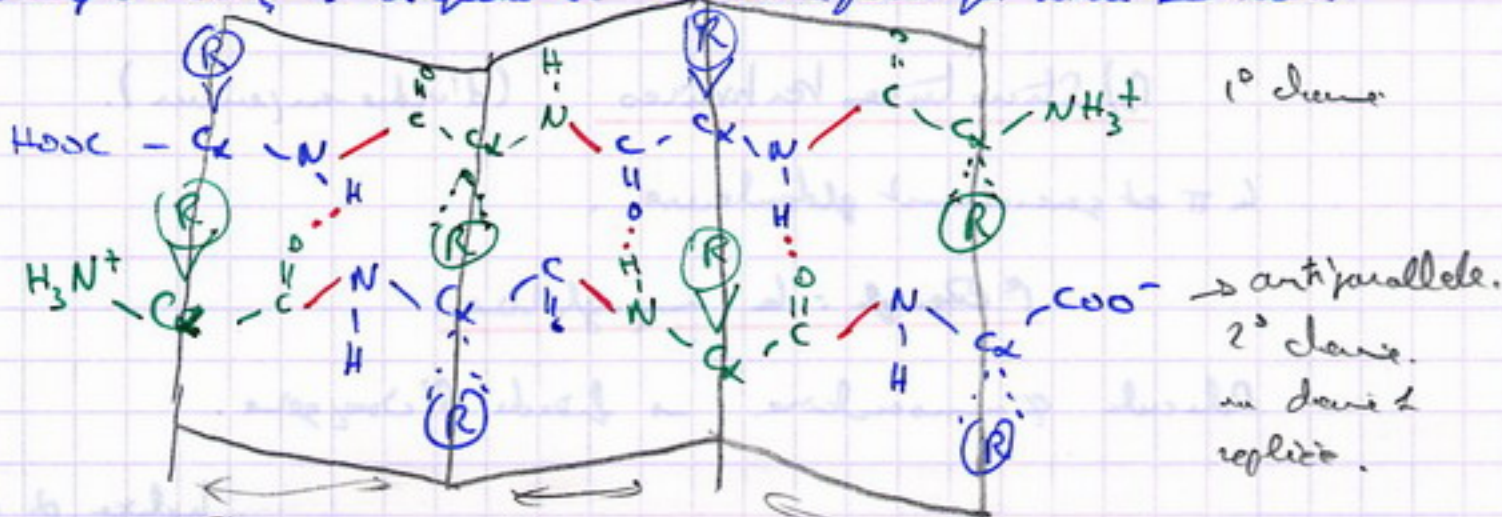
Il est très rare que la chaîne soit en hélice α . \rightarrow parfois en hélice α .

2) Structure en feuillet β

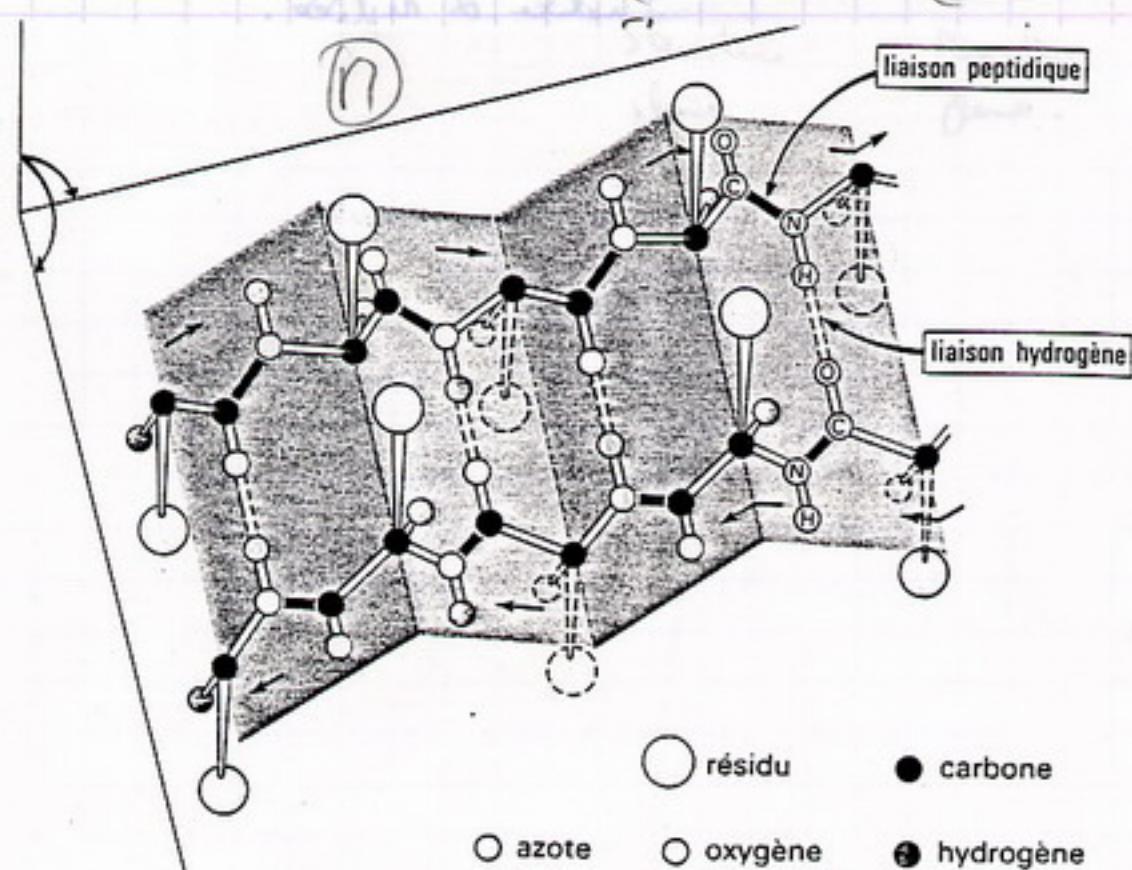
La keratine β Soie

Au rayon X très \neq .

Modèle de Pauling et Corey : les feuillettes ne s'alignent pas dans le π sens.



... liaisons H.



Structure secondaire des protéines.
L'analyse des diagrammes de diffraction des rayons X donnés par certaines protéines fibreuses comme la fibroïne de la soie permet d'imaginer une structure dans laquelle deux polypeptides antiparallèles, admettant entre eux le plus grand nombre de liaisons hydrogène possible, s'inscrivent dans une forme en accordéon. Cette disposition tient compte de la coplanéité des atomes du groupement amide, les résidus R faisant saillie au-dessus et au-dessous de ces plans.

Structure en feuillet β est plus extensive que l' α
 les liaisons H stabilisent cette structure.

Condition d'existence:

- les radicaux doivent être tous positifs et pas de charge contraire.
- la chaîne α peut former sans former le feuillet β
- double et crée de les ponts HS-SH et de liaisons H.

3)

la structure primaire est telle que l'hélice α et le feuillet β se peuvent se former
 → petite stabilisation.

Ps une molécule: Succinyl α , β et petite stabilisation.

Tous les π exclusivement α et β → fibres (travail angoumois)
 Élastine, collagène → à la structure.

B) Structures tertiaires (d'ordre supérieur).

la π est généralement globulaire.

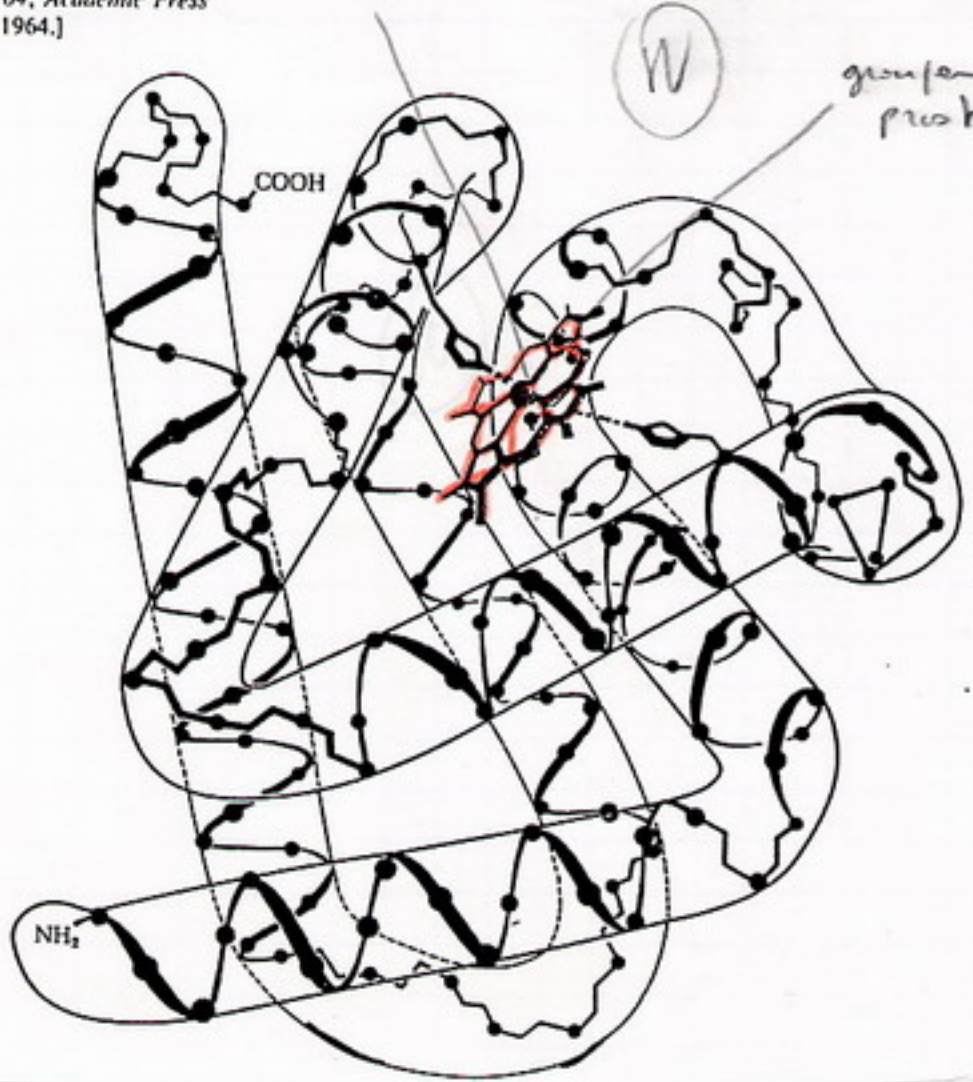
1^{er} Exemple: la myoglobine.

Molécule α musculaire → hélice l'oxygène.

Structure de la myoglobine, déduite des données de diffraction aux rayons X à résolution élevée (0.2 nm). [D'après R. E. Dickerson and H. Neurath (ed.), The Proteins, p. 64, Academic Press Inc., New York, 1964.]

groupe prostétique

hélice α repliée.



Au centre : groupement prosthetique (non covalent)

Ce centre contient un atome de Fe. \rightarrow l'axe de l'hémoglobine.

hélice α + groupement prosthetique

2) Exemple de Lysozyme.

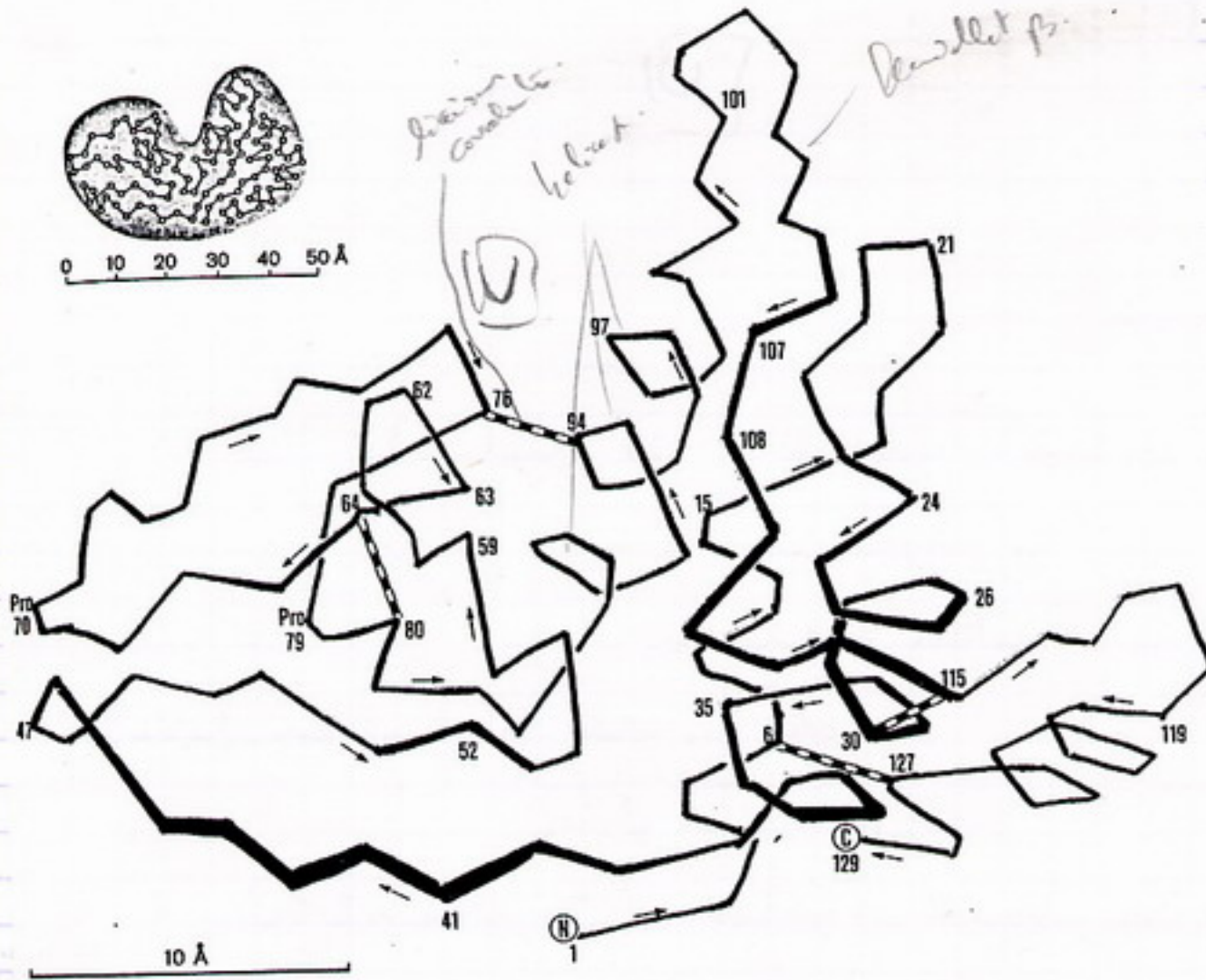


Schéma de la structure tertiaire du lysozyme du blanc d'œuf de poule, limité à la représentation du trajet approximatif de la chaîne polypeptidique principale. Elle s'inscrit dans un volume réni-forme mesurant 40 Å dans sa plus grande dimension. Elle est visiblement partagée en deux parties par un sillon vertical médian. A sa droite on reconnaît des éléments de structure secondaire du type hélice α tandis qu'à sa gauche s'observent deux ensembles plissés en accordéon. Quatre gros pointillés localisent les ponts disulfure. Les flèches indiquent le sens de lecture de la séquence, depuis l'extrémité N-terminale vers l'extrémité C-terminale (d'après Phillips, 1965, modifiée).

hélices α + feuillet β + autre zones indéfinissables.

Le tout replié \rightarrow structure globuleuse.

Autre les liens ponts disulfures $-(R)-S-S-(R)-$

Le + succèdent entre 2 résidues qui peuvent être liés chimiquement l'un de l'autre ou la chaîne.

3) La conformation tertiaire est stabilisée par des liaisons ou des interactions

intamoléculaires

Ces liaisons se sont par conséquent de la conformation. Elle se forme et stabilise une conformation existante.

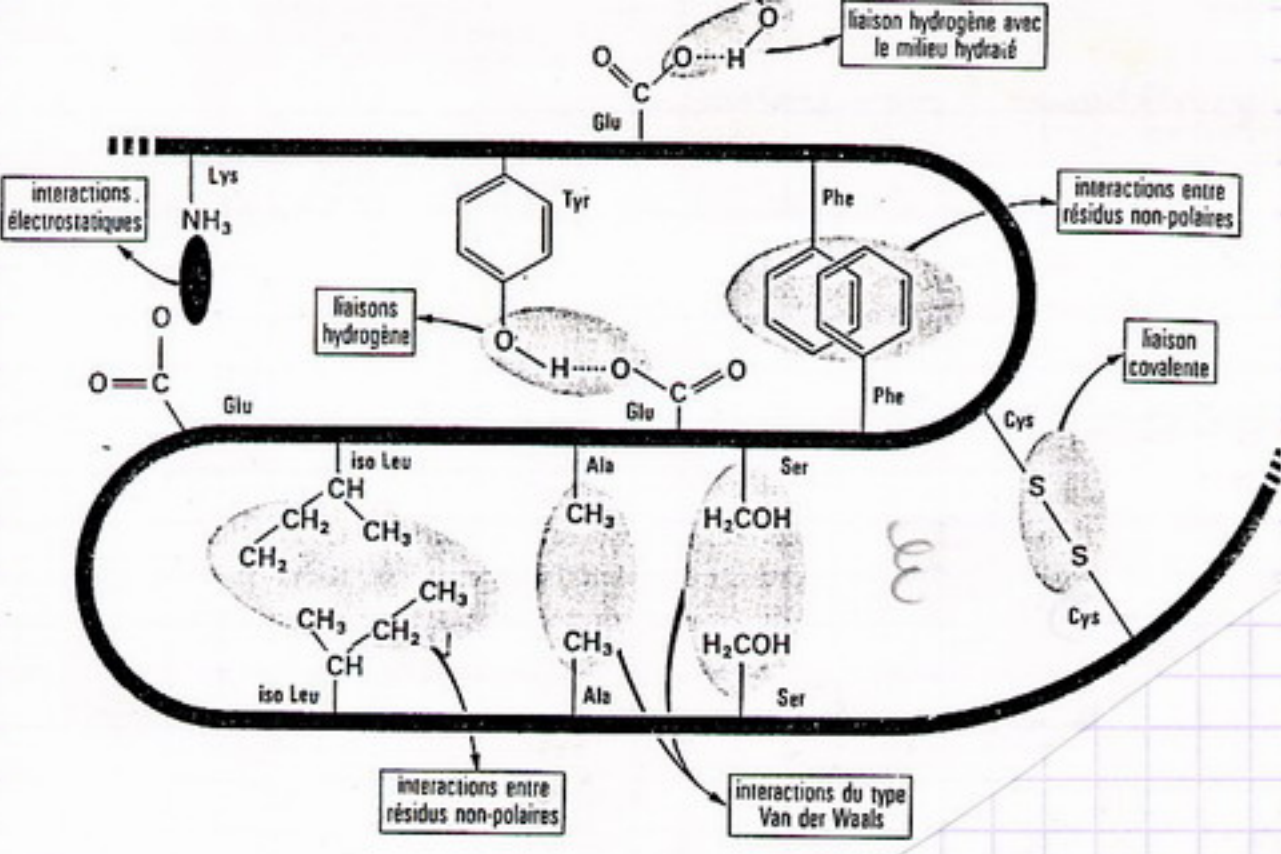


Schéma des principales liaisons non-covalentes qui participent à la stabilisation de la structure tertiaire des protéines (d'après Anfinsen, 1961).

Il peut y avoir des liaisons covalentes SH (cysteine).

hydrogène $S^+ - S^-$

interactions hydrophobes.

de Van der Waals (gravimétriques faibles)

Résidus non polaires.

Cette structure tridimensionnelle est stable. Importance de la liaison H. en solution stabilisation de molécule

Les interactions avec l'eau sont responsables de la conformation tridimensionnelle.

Forme de la molécule \rightarrow hydrophile (hydrophobe).
 Hydrophile \rightarrow liaisons H avec l'eau \rightarrow charge externe en contact de l'eau

Hydrophobe \rightarrow interactions rassemblés au cœur de la β .

l'élaboration de la structure tertiaire \rightarrow requiert peu d'énergie de part de la α se forme spontanée.

la structure primaire est responsable de la structure tertiaire. (disposition des radicaux).

Conformation tridimensionnelle fait apparaître des sites sur la β (sites de catalyse).

Conformations spatiales spécifiques \rightarrow zones réactionnelles \rightarrow interaction avec d'autres molécules (ex enzymes spécifiques).

Sites \rightarrow élaboration de structures supérieures. ex acides α

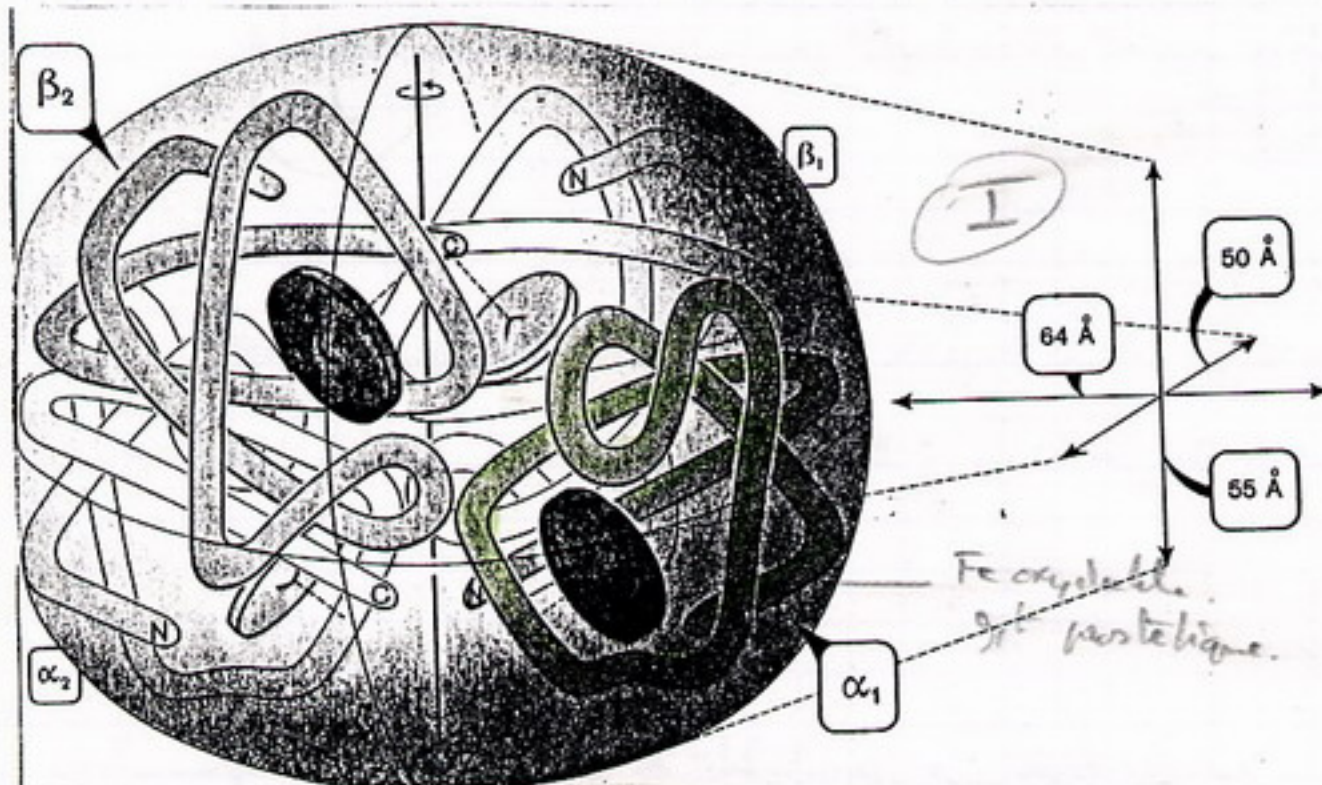
Complémentarité des sites.

C) Structure quaternaire.

Plusieurs π à structure 3^e peuvent s'associer pour donner une π à structure quaternaire.

Le π est constituée de plusieurs polypeptides. Chaque sous-unité est appelée chaîne.

Exemple: l'hémoglobine.



Schématisation du tétramère de l'hémoglobine, où l'axe de symétrie est représenté dans un plan vertical. Noter les distances considérables qui séparent les hèmes.

Constitution de 4 chaînes associées :

2 chaînes α + 2 chaînes β
 141 aa. 146 aa. 574 aa.

Chaque chaîne est le tiers poléique π + prostétique g^{re}.

Les chaînes α et β sont liées latéralement et les liaisons entre ces chaînes sont des liaisons intra chaîne et inter.

Ces chaînes sont associées car présentent de profondes tridimensionnelles angulaires.

Cette structure 4^e est conditionnée par la structure 1^{re}.

est la dyspoicytose. Anémie falciforme.

globule rouge déformé au molécule d'hémoglobine altérée de sa structure

le \neq entre l'hémoglobine normale et falciforme. $\rightarrow \neq$ de 4 aa.

1'aa \sim 6 de la chaîne β par le α . Sur lieu d'acide glutamique \rightarrow Valine

la structure 3^e est une modification (β) de la structure quaternaire est elle \sim modifiée.
 hydrophile hydrophobe

D) les structures d'ordre supracellulaire peuvent se modifier.

Transition allostérique

"pompes membranaires" constituées de π . Le changement de conformation \rightarrow réaction de pompe.

changement = transition allostérique provoquée (ATP = énergie)

la conformation spontanée adoptée par une π est la + stable, ne requiert pas d'énergie pour se maintenir.

* Modification de conformation de la myosine : transition allostérique (ATP)

* Modifications cils et flagelles de la microtubule. (ATP)

* Déplacement des vésicules à la surface d'une microtubule (ATP)



La structure n'est pas fixée \rightarrow possibilité de changement de conformation \rightarrow \rightarrow vt intra ou extra cellulaire.

IV Les différents types de π d'un pt de vue fonctionnel.

Les enzymes ont des π qui amènent les réactions métaboliques.

Les π de transport des ions des membranes (pompes).

gazo (hémoglobine)

lipides liés \rightarrow autres organes.
soluble / π soluble.

Les π nutritives de réserve : ovalbumine, caséine

Les π motrices ou contractiles Actine, myosine

Les π de structure keratine, collagène, élastine.

Les π de défense immunoglobulines, anticorps, le fibrinogène (causé des hémorragies)

Les π régulateurs : hormones.

Tous les diversités de pt biologiques pour les π

\rightarrow Infinité de π possibles et de conformation tridimensionnelles possibles.

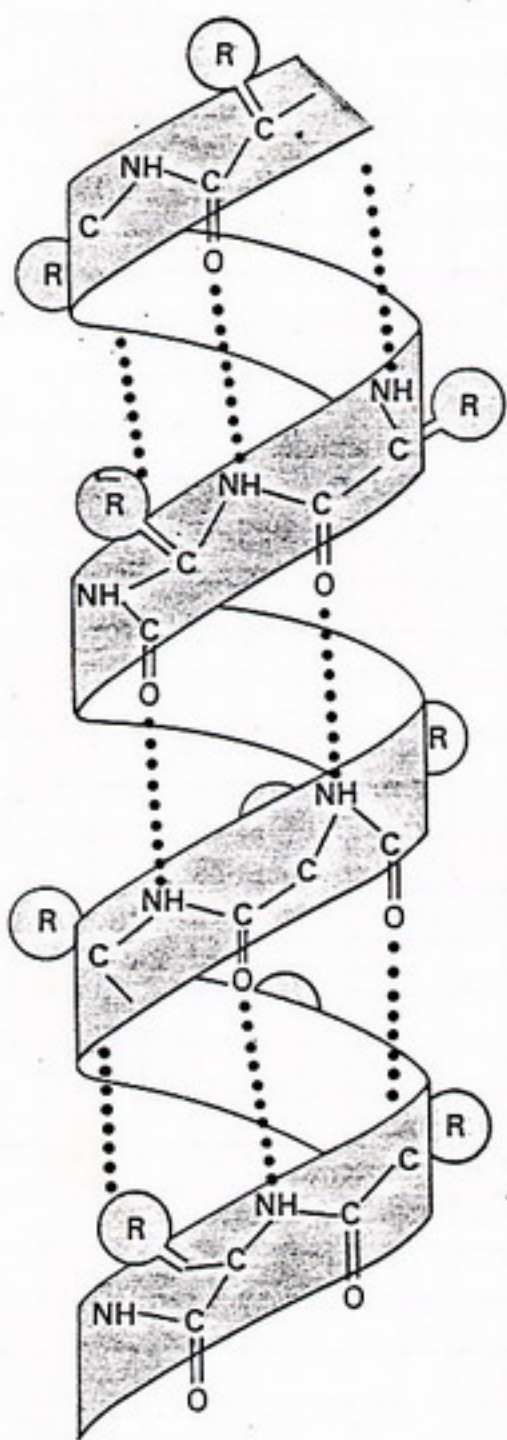
Seule les π de structure ont une structure 2^e

les autres ont une structure 3^e voire 4^e.

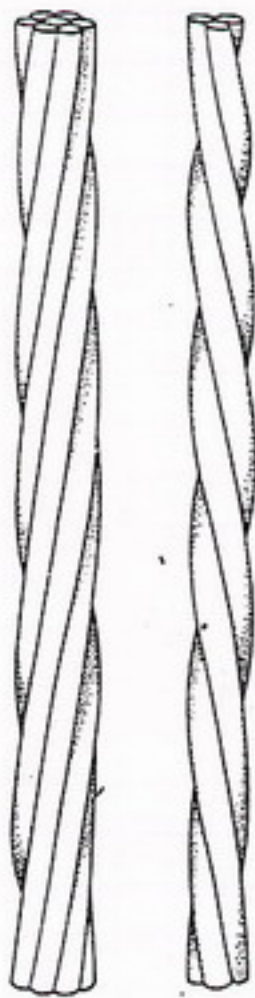
la pt biologique n'est pas seulement due à la structure primaire mais aussi à la structure tertiaire.

Changement de structure \rightarrow propriétés \neq .

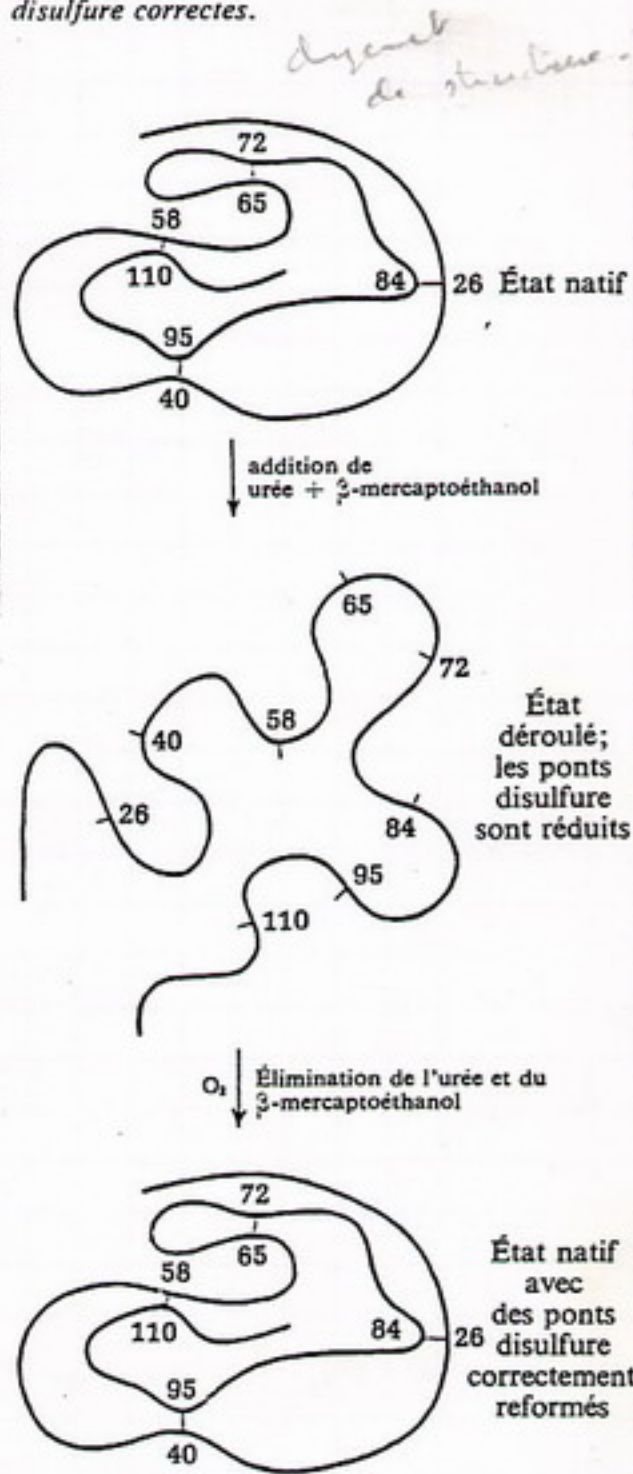
Retour à la conformation d'origine \rightarrow retour des propriétés.



Super-enroulement des hélices α dans les kératines des cheveux et de la laine.



Renaturation de la ribonucléase réduite, déroulée, avec rétablissement des liaisons disulfure correctes.



Structure secondaire des protéines.

représentation de l'hélice de type α de Pauling. C'est sous cet aspect que se présentent d'importants secteurs des chaînes polypeptidiques dans les protéines globulaires. Comme dans la figure précédente, on voit que ce modèle admet le plus grand nombre de liaisons hydrogène possible, et que les résidus R qui font saillie à l'extérieur de la spirale ne posent pas de problèmes d'encombrement stérique.