

# Programme de colles n°5

## Semaines du 25 novembre au 7 décembre 2024

### SV-D Organisation fonctionnelle des molécules du vivant

SVD2 - Les grandes familles biochimiques : les lipides **révision**

SVD3 - Les grandes familles biochimiques : les oses et polysides **révision**

Savoirs visés	Capacités exigibles
<b>SVD4 - Les grandes familles biochimiques : nucléotides et acides nucléiques</b>	
<p>Les nucléotides sont constitués d'une base azotée (purique ou pyrimidique) et d'un pentose (ribose ou désoxyribose) phosphorylé une, deux ou trois fois. Les nucléotides triphosphates sont impliqués dans les transferts d'énergie. Le principal est l'ATP. Son hydrolyse exergonique peut être couplée à différents processus endergoniques.</p> <p>Les nucléotides et leurs dérivés forment des molécules de petite taille solubles et mobiles ou susceptibles de s'associer à des protéines.</p> <p>Ces nucléotides assurent différentes fonctions : transfert, coenzyme d'oxydoréduction ou second messenger.</p> <p>Les acides nucléiques sont des polymères séquencés de nucléotides. Vecteurs d'information, ils peuvent interagir avec des protéines.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Représenter un nucléotide, les formules des constituants de base étant fournies ;</li> <li>- Représenter l'ATP, les formules des constituants de base étant fournies ;</li> <li>- Expliquer en quoi l'hydrolyse de l'ATP est exergonique ;</li> <li>- Représenter schématiquement la structure primaire d'un acide nucléique.</li> <li>- Représenter schématiquement la structure tridimensionnelle de l'ADN-B ;</li> <li>- Représenter schématiquement la structure d'un ARNt ;</li> <li>- Relier leurs structures et leurs propriétés à leurs rôles dans la conservation et l'expression de l'information génétique.</li> </ul>
<p><b>Précisions et limites :</b> On présente la diversité des molécules dérivées de nucléotides en lien avec leurs fonctions (transfert de groupes phosphates, coenzymes d'oxydoréduction, coenzyme de transfert de groupes acétyle et acyl (coenzyme A), second messenger). Pour les raisonnements, un formulaire avec les formules des bases azotées (adénine, guanine, cytosine, uracile, thymine, coenzyme A) ainsi que du <math>NAD^+</math> est fourni aux étudiants.</p>	
<b>SEULEMENT LA DEUXIEME SEMAINE DE COLLE</b>	
<b>SVD5 - Les grandes familles biochimiques : acides aminés et protéines</b>	
<p>Les acides alpha-aminés possèdent une fonction acide carboxylique, une fonction amine et un radical de nature variable, reliés à un même carbone alpha. Leur état d'ionisation dépend du pH de la solution.</p> <p>Les protéines sont des polymères d'acides aminés. La liaison peptidique unit deux acides aminés selon une géométrie qui conditionne les structures d'ordre supérieur.</p> <p>Les propriétés physico-chimiques de la liaison peptidique et des radicaux des acides aminés permettent aux protéines d'acquérir une structure tridimensionnelle secondaire, tertiaire et quaternaire.</p> <p>La structure d'une protéine peut être étudiée par des méthodes physico-chimiques.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Regrouper les acides aminés selon leur radical et leurs principales propriétés associées ;</li> <li>- Interpréter un profil d'hydropathie ;</li> <li>- Réaliser une électrophorèse de protéines en conditions natives ;</li> <li>- Exploiter les résultats d'une électrophorèse en conditions natives ou dénaturantes ;</li> <li>- Exploiter des données structurales relatives à une protéine pour faire le lien avec sa fonction.</li> </ul>

La fonction d'une protéine dépend de son affinité et de sa spécificité pour un ligand au niveau d'un site d'interaction. L'affinité et la spécificité d'un site d'interaction sont liées à sa structure tridimensionnelle et à la nature des acides aminés constitutifs.

La séquence en acides aminés et la structure tridimensionnelle des protéines peuvent leur conférer des propriétés mécaniques.

Les macromolécules protéiques sont des structures dynamiques du fait de la labilité des interactions faibles, ce qui participe à leur fonction.

La coopérativité est permise par les changements conformationnels des protéines (allostérie). Certaines protéines peuvent subir des modifications post-traductionnelles (glycosylation, phosphorylation).

Les connaissances sur l'affinité et la spécificité des interactions protéine-ligand ont permis de mettre au point des techniques de purification et d'en évaluer l'efficacité.

D'autres approches expérimentales permettent de déterminer la localisation et la fonction d'une protéine.

- Illustrer les notions d'affinité et de spécificité sur un exemple ;

- Relier la structure fibrillaire de certaines protéines vues par ailleurs dans le programme (protéines du cytosquelette, collagène) à leurs propriétés mécaniques ;

- Analyser des résultats expérimentaux utilisant des techniques d'extraction et de purification de protéines comme la chromatographie d'affinité ;

- Analyser des données expérimentales sur les interactions entre une protéine et un ligand.

- Exploiter des données de modélisation moléculaire. ;

- Analyser et interpréter des résultats expérimentaux utilisant les techniques de western blot ou d'immunomarquage, de mutagenèse et de transgénèse.

**Précisions et limites :** Pour les raisonnements, un formulaire avec les formules des radicaux des acides aminés est fourni aux étudiants. Pour la structure secondaire, on se limite aux hélices  $\alpha$  et feuilletts  $\beta$ . Les principes généraux et les objectifs des différentes techniques évoquées sont à connaître. Mais, dans toute cette partie, les protocoles des méthodes ne sont pas à mémoriser. La mise en œuvre pratique n'est exigible que pour l'électrophorèse.

Les propriétés d'affinité et de spécificité sont étudiées sur un exemple de protéine, abordé par ailleurs dans le programme. Seuls les principes généraux et les objectifs des différentes techniques évoquées sont à connaître. Pour les modifications post-traductionnelles, on se limite à la glycosylation des glycoprotéines et à la phosphorylation dans le contrôle de l'activité enzymatique. Le détail des radicaux phosphorylés ou glycosylés ainsi que la distinction O- glycosylation / N-glycosylation ne sont pas au programme.