

Chapitre 3 : Structure des enzymes

I-Structure, site actif :

La structure s'obtient grâce à la cristallographie, la spectroscopie des rayons X et la modélisation informatique. Le pouvoir catalyseur de l'enzyme dépend de sa **conformation** et de son **repliement**. Elle possède une structure particulière appelée le **Site actif**, composé de quelques acides aminés (pas forcément contigus). Ce site reconnaît le substrat et effectue la réaction.

Le site actif d'une enzyme est la région tridimensionnelle qui se lie au substrat, une petite zone privilégiée de la protéine enzymatique dont la géométrie a une importance considérable sur la spécificité, il est situé dans une zone hydrophobe dans la partie interne de la structure. Il contient **un site de fixation** et un **site d'action (site catalytique)**. **Figure 1.**

a- Le site de fixation du substrat (ou site de liaison) et reconnaissance : est constitué de certains Acides aminés qui sont associés avec l'orientation du substrat, il reconnaît la structure du substrat et détermine l'affinité et la spécificité de la réaction

b- Le site catalytique permet la transformation du substrat en produit, il est constitué des résidus qui sont directement impliqués dans la formation et rupture des liens chimiques et détermine la vitesse de la réaction.

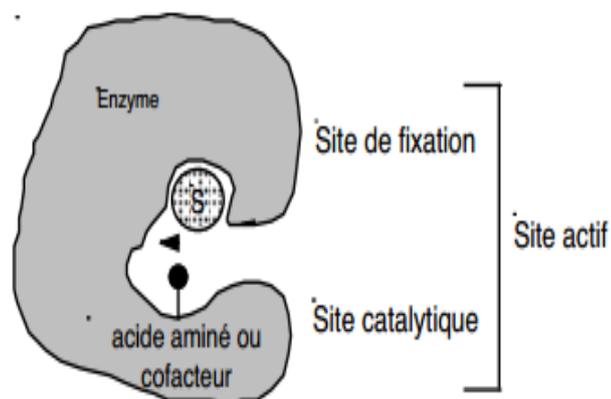


Figure 1: Représentation schématique d'une enzyme.

On observe qu'un changement d'un seul des acides aminés du site actif suffit à complètement changer l'activité et la spécificité de l'enzyme. Au contraire, une modification des acides aminés hors du site actif peut n'avoir aucune conséquence sur le métabolisme de l'enzyme.

II-Structure des enzymes :

Les enzymes sont des protéines globulaires, elles adoptent plusieurs degrés d'organisation :

1-Structure primaire : se définit par la séquence en acides aminés. Elle est constituée d'un enchaînement covalent d'acides aminés selon une séquence dictée par celle de l'ADN du gène (**Figure 2,3**).

2-Structure secondaire : La séquence en acides aminés subit des repliements dans l'espace localement en structures secondaires pour former des motifs (**hélices α et feuillets β**) (**Figure 4**).

3-Structure tertiaire : Formée par l'association de plusieurs motifs, donnant une forme spatiale à la protéine. On peut dire aussi que c'est un assemblage des formes élémentaires selon les trois directions de l'espace et le pliage des chaînes et adoptent une configuration tridimensionnelle (**Figure 3; 5 a et 5b**).

Cette organisation entraîne une localisation:

- Des acides aminés polaires en surface externe
- Les acides aminés non polaires vers l'intérieur de la molécule (zone hydrophobe interne)

C'est au niveau de cette zone que se situe le site actif d'une enzyme

Pour qu'une enzyme soit fonctionnelle, il faut qu'elle adopte une structure tertiaire.

4-Structure quaternaire : Association de plusieurs chaînes protéiques.

Certaines, comme d'autres protéines (hémoglobine), comportent plusieurs chaînes protéiques formant des sous-unités (**Figure 6**).

- Une chaîne : monomère
- Plusieurs chaînes : oligomère

Cette structure est adoptée par les enzymes régulatrices.

Certaines enzymes sont actives par eux-mêmes, sans autres groupes fonctionnels, d'autres au contraire nécessitent la présence d'un composé non protéique : **Co-facteur**

Le co-facteur est soit :

- Un ion métallique appelé activateur (Fe^{+2} , Mg^{+2}).
- Molécule organique : appelée Co-enzyme.

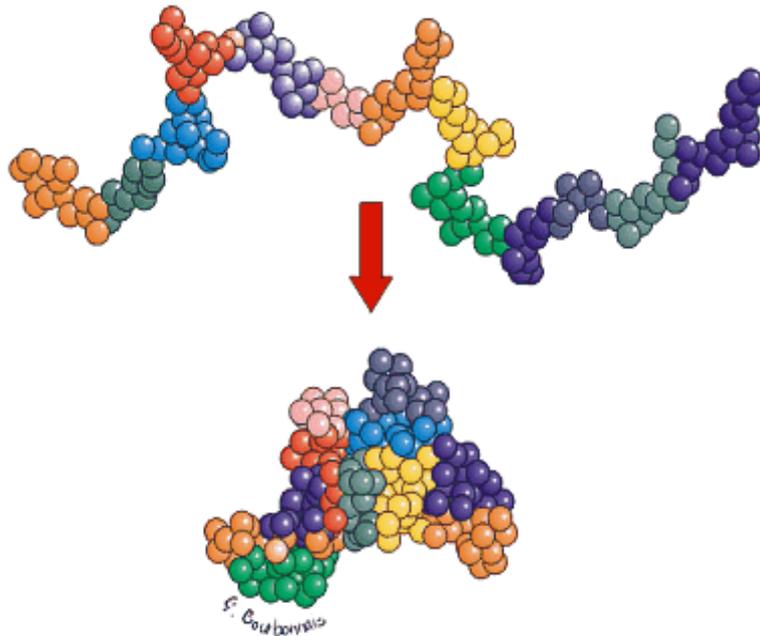


Figure 2 : Séquence du lysozyme de poulet. Cette séquence constitue la structure primaire du lysozyme.

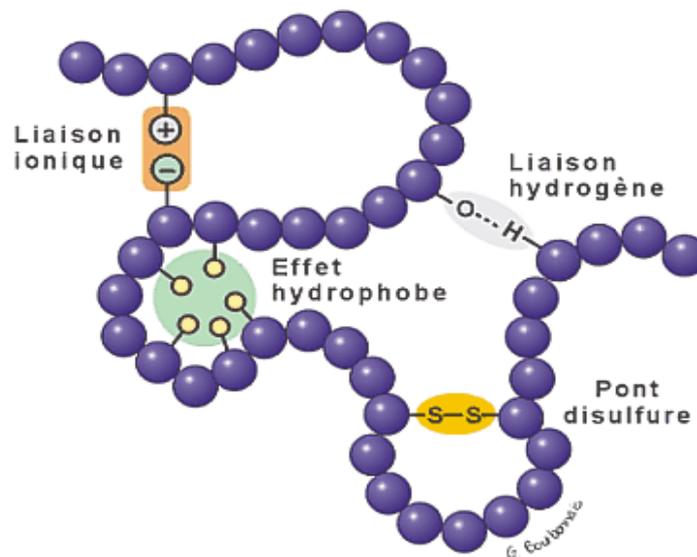


Figure 3 : La structure primaire d'une protéine détermine sa structure tertiaire.

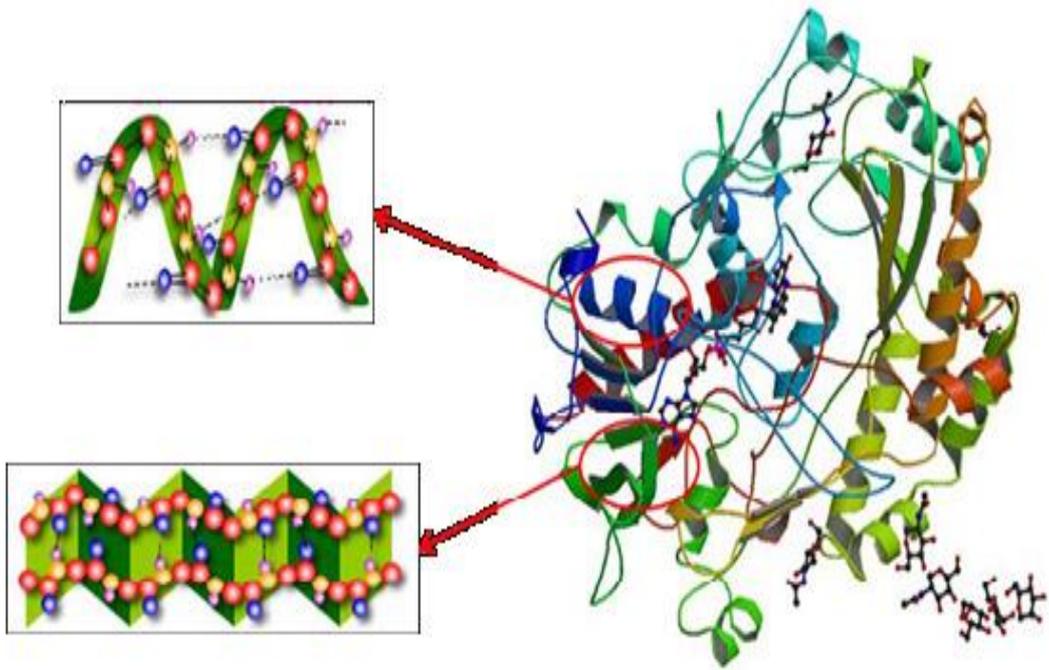


Figure 4. Représentation schématique de la structure secondaire d'une protéine.

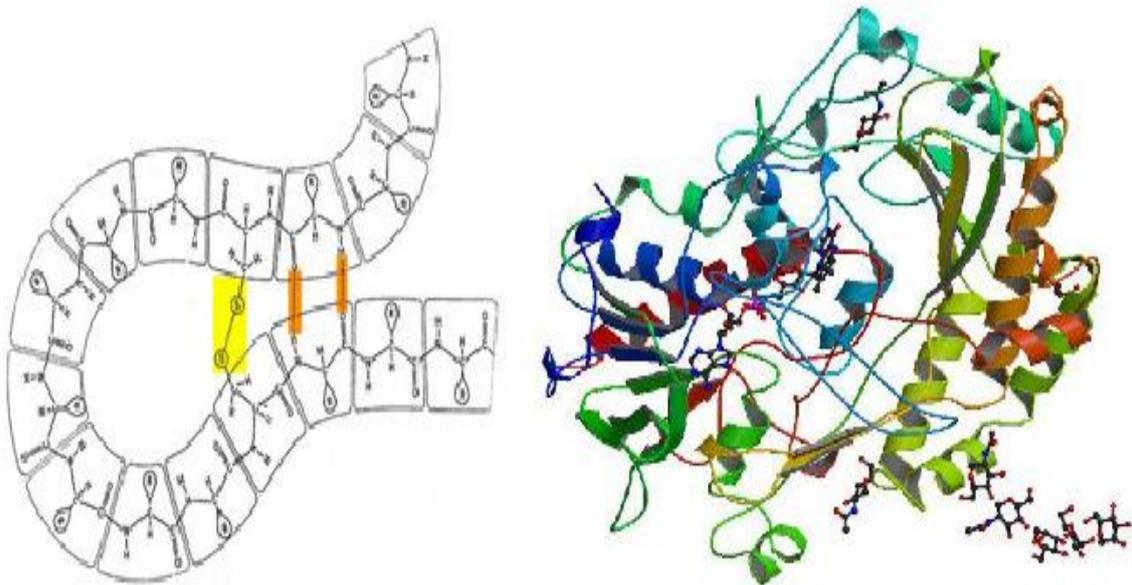


Figure 5 a. Représentation schématique de la structure tertiaire d'une protéine (Le glucose oxydase).

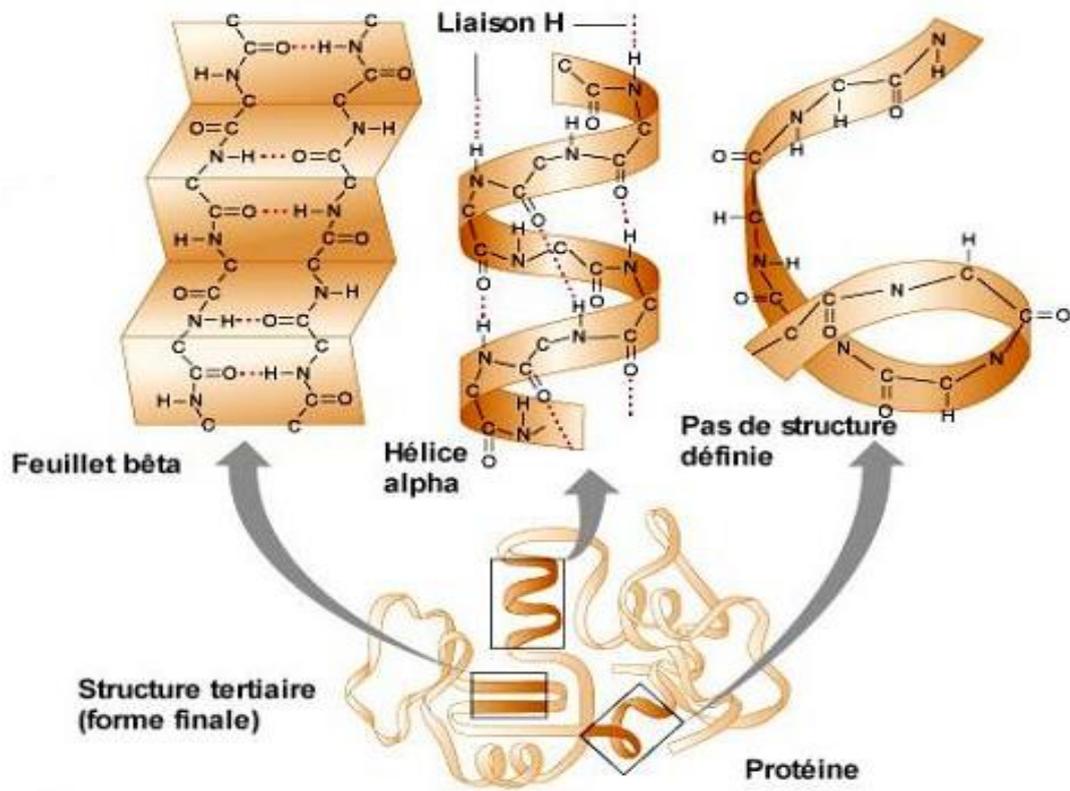


Figure 5.b : La forme finale de la chaîne d'acides aminés, c'est à dire la structure tridimensionnelle finale qu'adopte la chaîne d'acides aminés, constitue la **structure tertiaire** de la protéine.

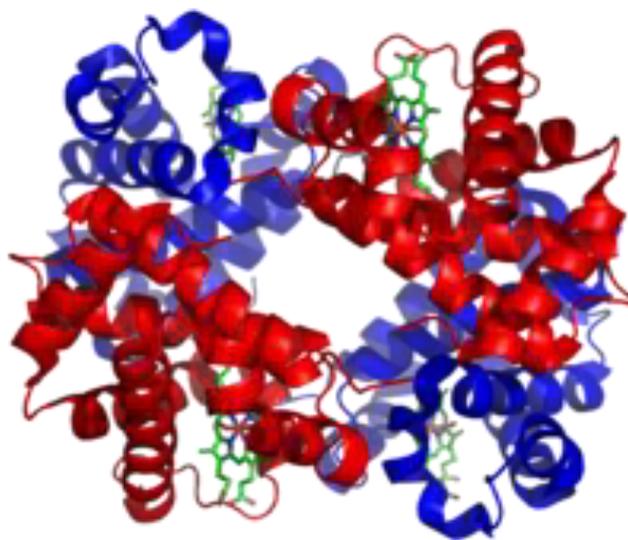


Figure 6 : **Structure quaternaire** de l'hémoglobine humaine. Deux sous-unités α et deux sous-unités β forment le tétramère fonctionnel de l'hémoglobine. Elles sont arrangées avec un enchaînement de type $\alpha\beta\alpha\beta$.