

Les oses = chimie des sucres

Intérêt = source dans le fond chiral (sucre, terpène, acides aminés)

Généralités

Définitions

Diols = composés comportant 2 fonctions alcool dans lesquels 2 groupements hydroxyles sont liés chacun à un carbone sp^3 (carbone normal)

Polyols = composés dans lesquels 2 ou plusieurs hydroxyles non geminés constituent la fonction principale.

Geminés = groupements fixés sur le même atome

Vicinaux = voisins = groupements en positions relatives n et $n+1$.

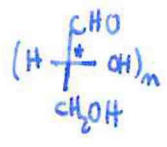
"**sucres**": saccharides, glucides = hydrates de carbone de composition proche de $C_n(H_2O)_m$.

2 types de "sucres" =
 - oses (monosaccharides)
 - Holosides (oligo- et polysaccharide)

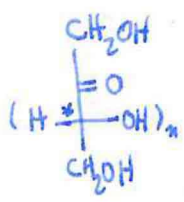
Oses = Structures polyfonctionnelles comportant des fonctions aldéhyde (ou cétone) et des groupements hydroxyles.

2 types d'oses =

- Aldoses



- Cétones:



Ose ou monosaccharide (non hydrolyzable)

Oligosaccharide = oligoholide = combinaison de 2 ou 10 monosaccharides.

ex = Saccharose (sucre de table) = D-glucose + D-fructose

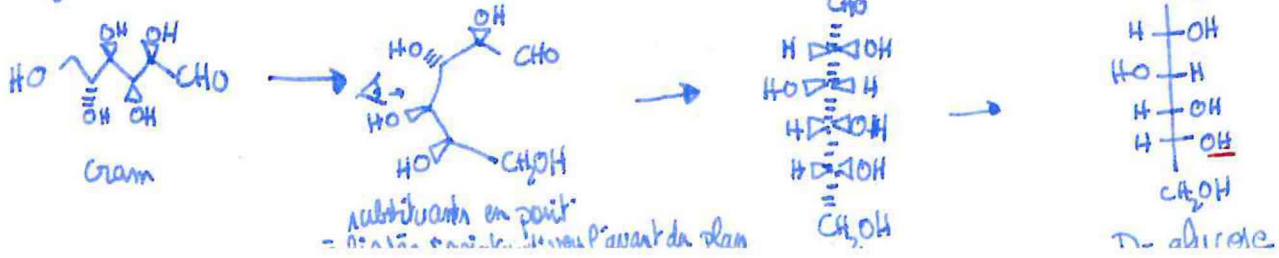
Polysaccharide = > 10 unités monosaccharides

ex = la cellulose, amidon, glycogène (sucre de glucose ds le corps)

Nomenclature et configurations

Représentation de Fischer = $\begin{array}{c} \text{CHO} \\ | \\ \text{H} - \text{C}^* - \text{OH} \\ | \\ \text{H} - \text{C}^* - \text{OH} \\ | \\ \text{H} - \text{C}^* - \text{OH} \\ | \\ \text{H} - \text{C}^* - \text{OH} \\ | \\ \text{CH}_2\text{OH} \end{array}$

Passage de Gram à Fischer:

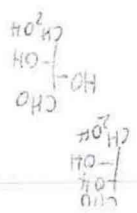


Épimère = les 2 substituants sont du même côté

Triose = les 2 substituants sont sur 2 carbons épimères

Épimère = ≠ par 1 configuration

tétraose (3OH), pentose (4OH), hexose... & cétohexose pour les tétra- & cétopentose & tétrahexose.

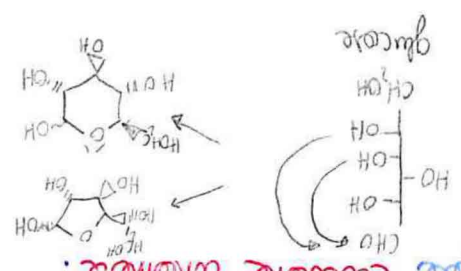


$\frac{\text{CHO}}{\text{C}^2\text{OH}}$ = aldose non chiral

Structure cyclique des oses

Hémicétylation spontanée (= réaction avec un cycle). Le carbone hémicétylique est

appelé **carbone anomère**.



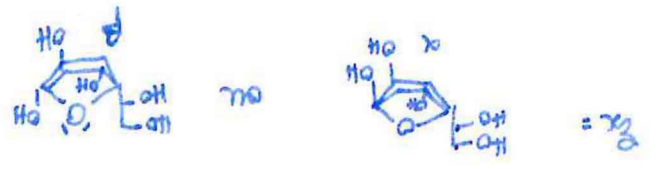
fructose (cinquique) (fructose = 5)
pyranose (hexime) (pyranose = 6)

Couple de diastérisomères =

α = substituant anomère en dessous (trans) par rapport au C5 (CH₂OH).

β = substituant anomère au-dessus (cis).

représentation de Haworth.



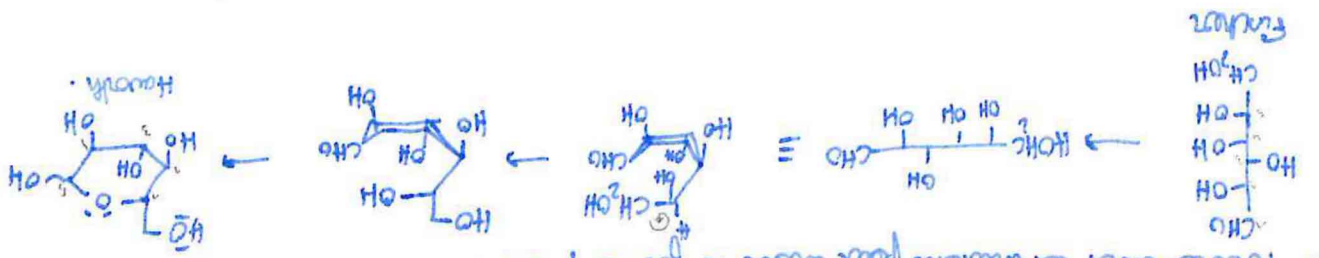
oxygène en haut du cycle et carbone anomère à droite.

Projetage de Fischer à Haworth =

1) Traverser l'axe qui forme le cycle

2) Rotation de 90° de Fischer

3) Tordre autour les liaisons pour avoir la forme qu'on veut.



Hydratation

Budgion du pouvoir stabilise spécifique d'une solution d'ose facilement préparée.

origine = hémicétylation spontanée dans les anomères & équilibre.

Monomère α = état acide \ominus de stabilisation dipolaire (effet anomère)

Monomère β = -OH en position équatoriale (stable)

- \ominus pbase = mieux stabilisée pour les hexoses pbase

Il ya interconversion des anomères α et β (36,4% α -D-glucopyranose, 63,6% β -pyranose)

Mécanisme



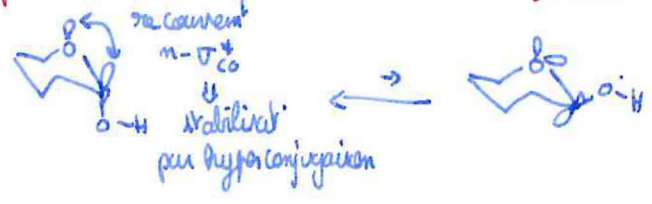
Catalyse acide spécifique = dépend seulement de la concentration en ions oxoniums $[H_3O^+]$ (≠ généralisée : v dépend de $[H_3O^+]$ et d'autres donneurs d' H^+ faibles $[AH]$).

Effet anamère = Dipôle :



Stabilisation = $5,9 \text{ kJ.mol}^{-2}$
 ⇒ déstabilisation = $3,3 \text{ kJ.mol}^{-2}$ OR on axial
 ⇒ stabilisation nette = $2,6 \text{ kJ.mol}^{-2}$

orbitaux :



Conformations des pyranoses

La plupart des aldohexoses adoptent la conformation chaise qui place le groupement hydroxyméthyle du C5 en position équatoriale.

Notation = C pour chaise, H = half chair, B = boat, E = envelope

Nombre = en indice les atomes situés au-dessous du plan et en exposant ceux au-dessus du plan moyen du cycle. ex 4C_1

RMN :

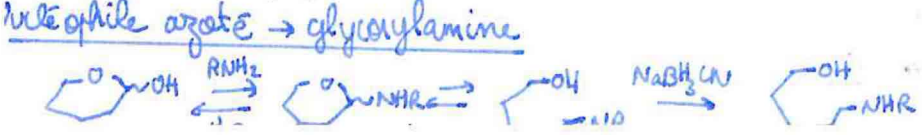
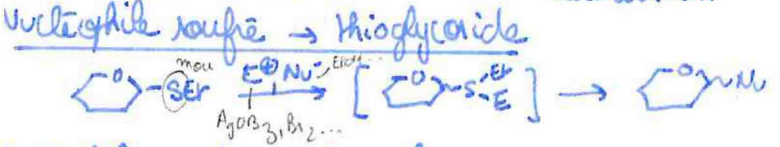
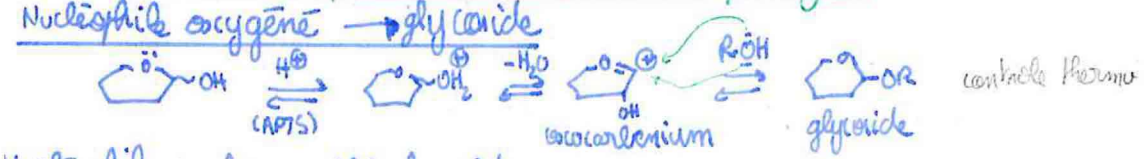
Karplus :

⇒ α pyranose $J_{H-2} = 3,7 \text{ Hz}$
 β pyranose $J_{H-2} = 8,0 \text{ Hz}$

H diastéréotopiques = pas inter échangeables par rotation, réflexion, inversion ou rotation impropre.

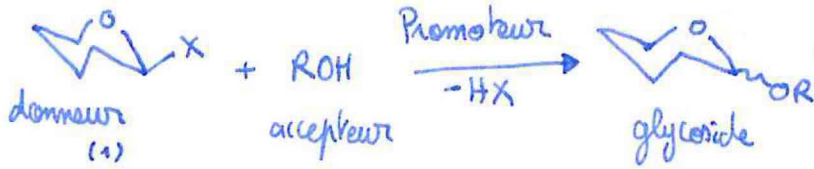
Réactivité des sucres

Réactivité de la position anomère non protégée



Glycosylation

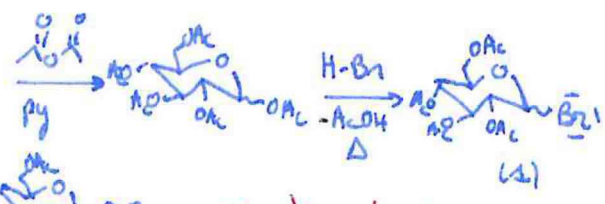
= condensation d'un glucide et d'un alcool ou condensation entre 2 glucides.



Formation de (1) : D-glucose

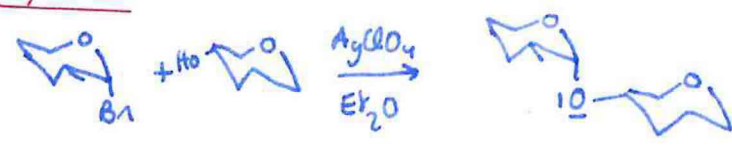
1,2 Kamm
(1) + ROH
avec
Br₂

Sels d'argent
ou de mercure
CHCl₃



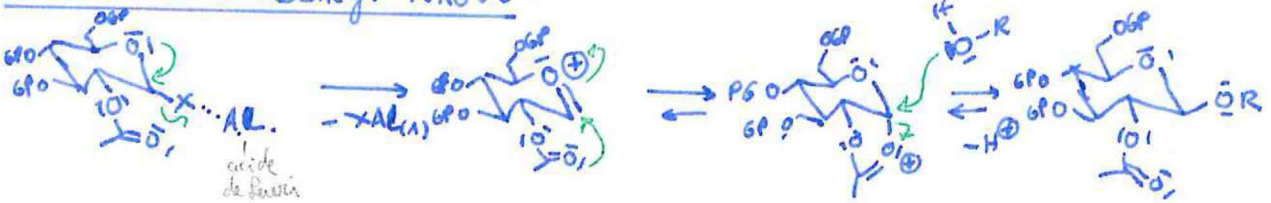
reaction de Koenigs-Knorr
Selectivite β

1,2 cis



Selectivite α

Mecanisme de Koenigs-Knorr:



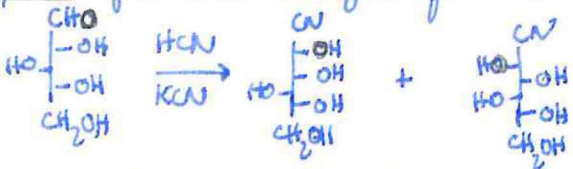
assistance anchimerique = Participation du groupement protecteur acetylé en position 2.

Determination de structures

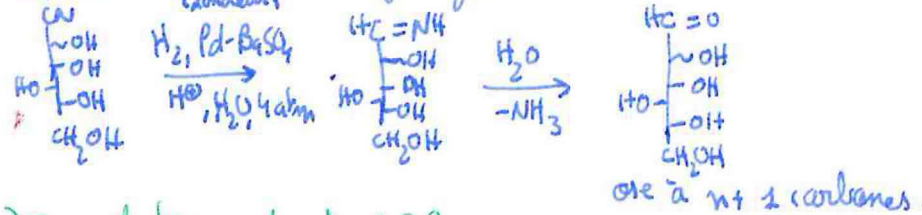
Méthode de Kiliani-Fischer

Homologation : on part d'un monosaccharide avec n carbones → monosaccharide à n+1 carbones

Etape 1 = formation de cyanhydrines :

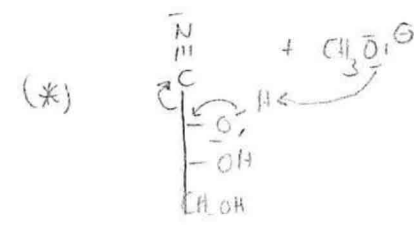
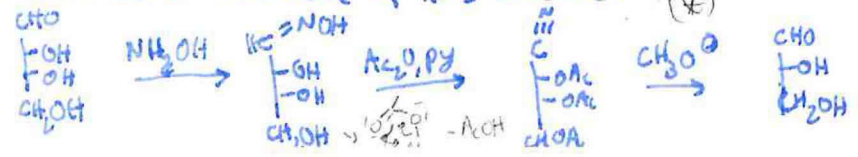


Etape 2 = Réduction et hydrolyse



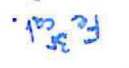
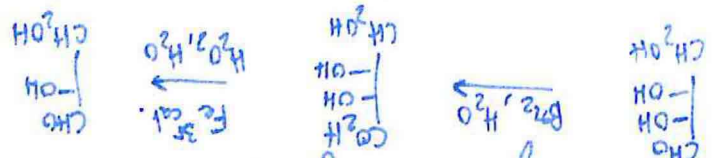
Dégradation de Wohl

monosaccharide à n carbones → n-1 carbones



Régénération de Kuff

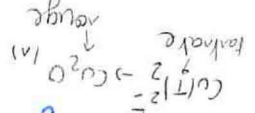
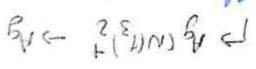
l'oxydation de Kuff :



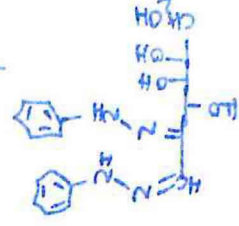
(micromol/l avec $-\text{e}^-$, $-\text{H}^+$ \rightarrow $-\text{CO}_2^-$, $-\text{e}^-$, $-\text{H}^+$)

Taux caractéristique des sucres réducteurs

Adénosine et cétoses participent aux tests de Fehling et Tollen. Sucre non réducteur = test négatif



↑



→ point de fusion net = identifié facile.

Les sucres en tant que briques élémentaires

Insuline du pancréas en milieu acide aqueux ou en présence de l'insérine car hydrolyse acide.

Forme oligosaccharide = lactose, maltose

Polysaccharides = amidon = glucopyranose lié au niveau du C4 → des centaines d'unités monomères

→ amarragement polymérique azéotrope.

cellulose = ~ 3000 unités monomères.

est pur C4. liaisons H et donc = très rigide.

Chimie Bio-inorganique

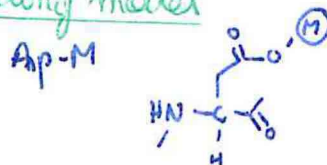
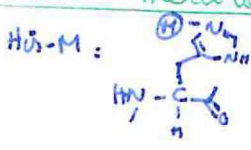
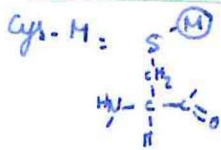
Introduction Respiration $O_2 + 4e^- + 4H^+ = 2H_2O$ avec glucose $\rightarrow CO_2$: $C_6H_{12}O_6 + O_2 \rightarrow 6CO_2 + 6H_2O$

Fonction de quelques métaux dans le corps: Sodium (charge carrier, osmotic balance)

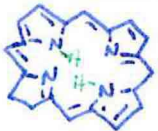
Mg, Ca (structure...), Vanadium (Nitrogen fixation), Tungsten (Dehydrogenase), Manganèse (Photosynthèse, etc, etc), Cu (oxidase, transport O_2 , transfert d' e^-)

Types de ligands

Aminoacides side chain - metal ion binding modes



Ligands biologiques = macrocycles



porphyrin ou porphyrin

Il peuvent être substitués par des ions métalliques
vitamine B12 $L_2 \times 2$



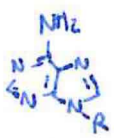
metalloporphyrin complex.

Hème (= Fe - protoporphyrin)

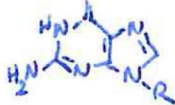
Macrocydes qu'on trouve selon le type (A, B, C...) de cytochrome, de hémoglobine...

Bases Nucleiques

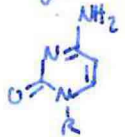
Adénine:



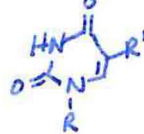
Guanine



Cytosine



Uracil (R'=H) / Thymine (R'=CH3)



nucleotides et nucléosides.

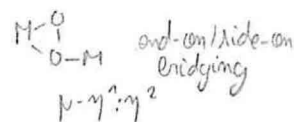
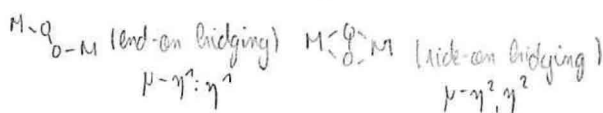
Rôle des métaux

- Transport et stockage de O_2 (myoglobine)
- Catalyse = enzymes (hydrolyses, isomérisations (B12))
- Transfert électronique (Fe - Soufre $\rightarrow Fe^{II}$ et Fe^{III})
- Structural \rightarrow structure = activité (reconnaissance de l'ADN/ARN)

\rightarrow Pour des médicaments =
- diagnostic (Gel IR...)
- traitement (regular, mais \neq knock-out poly.)
cis-platine $\hookrightarrow Li$

Exemple voir poly

type de coordination: $M \begin{matrix} O-O \\ \diagup \diagdown \end{matrix}$ (end-on) $M \begin{matrix} O \\ \diagup \diagdown \\ O \end{matrix}$ (side-on)



Hématologie = la concentration des éléments métalliques et finement régulée.

Éry = teneur moy. = constante

Se ne s'agit d'éléments en urticaire les éléments qui étaient abondants et disponibles pour elle.

En catalyse la formation de radicaux libres à partir d' O_2 (réaction de Fenton) ⇒ pour faire de ϕ

Stockage et transport d' O_2 : ou hémoglobine

forme de oxy. peroxymyoglobin

forme oxy. désoxygénée

La dernière étape fait $\rightarrow Fe^{2+}$ et Fe^{3+} dans le sein de la protéine

myoglobine = stockage de O_2
hémoglobine = transport.

• CO = excellent ligand du fer (toxicité).

Acide aminé enzymère:

- Source de chiralité = auxiliaire.
- ↳ enzyme catalyse (Lilj et MacMillan 2001)
- ↳ ligature de ligand
- ↳ attente de la chiralité des substituants.
- Source de chiralité = bloc de construction

Structure des protéines:

- Primaire (séquence d'A.A.)
- Secondaire (impliquent local: hélice, feuillet)
- Tertiaire (étude bidim. (niveau d'A.A. degré) - quaternaire (plusieurs structures tertiaire).

Site actif = zone de l'enzyme

permettant d'interagir avec le substrat et de réaliser la réaction enzymatique. → dimens, regio et microenvironnement

La site de reconnaissance ⊕ site catalytique

A.A. hydrophobes permettent la catalyse / A.A. hydrophiles reçoivent H₂O à l'act. du site actif.

diminution de l'énergie d'activation par:

- liaison covalente (no local)
- interaction non covalente (après local) → LH, vdW, comig, caten-II

local → 285
x 4,18

Cinétique enzymatique =

↳ Michaelis-Menten: $E + S \xrightleftharpoons[k_{-1}]{k_1} ES \xrightarrow[k_{-2}]{k_2} E + P$

$v_{app} = v_{dups} (AEP)$

Inhibition =

inhibiteur compétitif = analogue structural du substrat, se lie au site actif à la place.

$EI \rightleftharpoons EI \rightleftharpoons ES \rightarrow E + P$

inhibiteur non compétitif = ne se lie pas à l'enzyme elle mais au f enzyme-substrat.

$E + S \rightleftharpoons ES \xrightarrow[k_{-1}]{k_1} E + P$

inhibiteur non compétitif = peut se lier à l'enzyme elle ou au complexe enzyme-substrat.

$E + S \rightleftharpoons ES \xrightarrow[k_{-1}]{k_1} E + P$

$E + I \rightleftharpoons EI$

Chimie bio-organique

Introd = modif. et utilisat. de ces systèmes

- imitacion de ces systèmes
- rationalisation et optimiser les interact avec les systèmes bio.

Molécules bio-organiques

sucres, nucléotides, peptides

sucra = forme vague incluant monosaccharides et petits oligosaccharides des

glucides = composés organiques contenant un groupement carbonyle et au minimum 2 fonction hydroxyles.

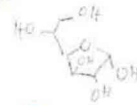
monosaccharides (=oses) = aldose, cétose et dérivés pouvant être oxydés, des oxygénés ...

aldoses = sucres comportant une fonction aldéhyde et leurs hémiacétals intramoléculaires.
étores cétose

hémiacétals intramoléculaires

Équilibre entre ≠ structures cycliques (furaniques, pyraniques et acycliques).

linéaire (%), α ou β glucopyranose ($\frac{1}{3}$ / $\frac{2}{3}$), α ou β glucofuranose (ppm)

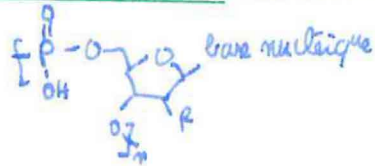


Mutrotation = variation du pouvoir rotatoire par épimérisation du carbone hémiacétalique.
↳ chgt de config. abs. d'1 centre asym.

Chimie des sucres → importance des groupements protecteurs = alcools primaires / secondaires / vicinaux + oxydation / réduction.

→ sucre = auxiliaire qui oriente la réaction.

Nucléotides = sucre + base + phosphate.



ARN = acide ribonucléique R = OH

ADN = acide desoxyribonucléique R = H

ADP/ATP = R = OH, non polymérique, 2/3 phosphate, base = adénine

Appariement :

A-T → 2 liaisons H } auto-assemblage des paires canoniques complémentaires
C-G → 3 liaisons H } ↳ liaisons H / π -stacking

Les protéines

polymères d'acides α -aminés combinés.

Acides aminés essentiels : ne peuvent être synthétisés de novo. Pour l'homme = 8 a.a. = leucine, isoleucine, lysine, méthionine, phénylalanine, thréonine, tryptophane.

Biosynthèse des A.A. : HO-CH2-CH(NH2)-COOH + NH3 $\xrightarrow[\text{NADH}]{\text{glutamats des hydrogènes}}$ HO-CH2-CH(NH2)-COOH + NH3 → glutamine.

Biosynthèse des protéines : - Transcription, transfert, traduction (codon initié = AUG, lecture de N à C terminal, terminaison codon stop UAA, UGA, UAG)

Ribosome = 3 sites impliqués = P: prot.
A: A.A.
E: exit

Synthèse peptidique =

formation d'une liaison peptidique peu favorable ⇒ nécessité d'agents de couplage mais pb. de sélectivité
⇒ utilisation de groupement protecteurs.

2 grandes familles :
- en phase liq

- sur support solide : synthèse de Merrifield
antido de manière covalente à un espaceur fixé sur une résine insoluble.

fonction de dérivée : de C à N terminale.

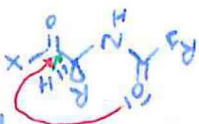
Le groupage d'un A.A. → déprotonation relative du N terminal → groupage (actif)

Agents de couplage = permettent d'activer l'acide carboxylique.

Le carboxydicimide + hydronycyphyls pour éviter l'épimerisation.
ac. carbo. + carboxydicimides | C1CCN1 | C1CCN1
N=C=N

Protome = Réactions secondaires

* Estimation de H après activation puis réprotonation → perte de l'ing. chiral
* acylation
* avec carboxydicimides → acylures.



Groupement protecteur

Acides carboxy. = ester méthylique, nit. - butylique, nit. - butylique / allyle, amines = carbonates, pnc, coc...
Ester méthylique = déprotection LiOH
protection: SOCl2 + ROH

Réaction de photosynthèse :



Vitamine = substance que notre organisme ne sait pas synthétiser et qui doit nous être apportée par l'alimentation.



Cellule = milieu réducteur.

Introduction à la biochimie

Molécules biologiques

Solvant = eau salée, différences d'hydrophobicité implique des prop. importantes.

Molécules biologiques = molécules organiques

molécules simples (sucre simple, nucléotides...) ≠ molécules complexes = issues de condensat. de molécules simples.

Système biologique (cellule, organisme):

- système thermo. ouvert délimité par une enveloppe
- maintient de un état hautement structuré
- Maintenu à cet équilibre par apport d'énergie.
- Possède, entretient et exprime des info. génétiques.

Les glucides = source d'énergie, d'info., de matière

Grandes familles:

- Les oses = glucides les plus simples $C_nH_{2n}O_n$ ou carbohydrate = $C_n(H_2O)_n$

Molécule très hydrophiles. Sucres les plus fréquents à 6 carbones (glucose, Mannose, galactose, fructose)

Représentat. de Fisher:

- chaîne carbonnée à la verticale, carbone C1 oxydé en haut.

au niveau du carbone asymétrique = les groupes dérivés à l'horizontal sont vers l'avant, les autres vers l'arrière. Série D = OH à droite

L = à gauche.

vue biologique

Cyclisation des cycles:

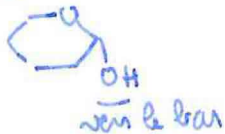
Hémiacétalisation = $R-C(=O) + HOR' \rightleftharpoons R-C(OH)(OR')$

Sont majoritairement sous forme cyclique. (5 ou 6) glucose = 6 préférentiellement.

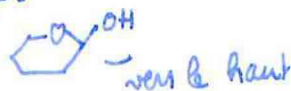
Equilibre thermodynamique entre cycle et linéaire (mélange des 2 formes).

Cyclisat. crée des relat. d'anomérisation en C1 = carbone anomère

isomère α =



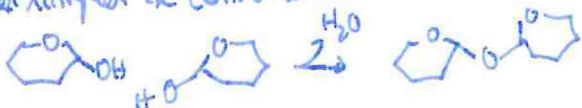
isomère β =



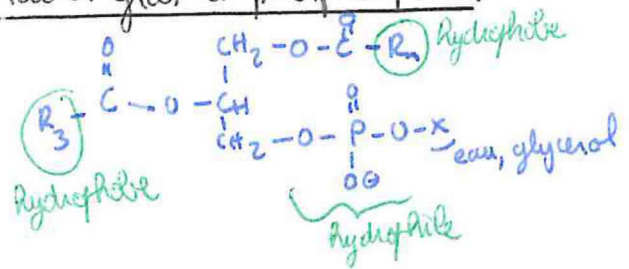
On peut former des dérivés de sucre simple.

- Sucres complexes = oligosides et polysides

sucre simple de condensat. =



Acides gras et phospholipides



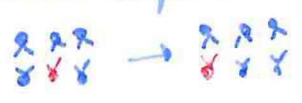
Formes droites / courbées selon composition (acides gras saturés / insaturés)

Membrane hydrophobe = bicouche lipidique.

↳ globule rouge (parité d'acides = meilleur modèle)

Diffusion des lipides dans la membrane : ω = cholestérol (flexibilité de la membrane)
Rémère

- latérale = rapide



- transverse = lente



• Impact de la composition des membranes sur leur fluidité = $T_{fus} \uparrow$ avec la longueur de la chaîne C et \downarrow avec le nbr d'insaturat.

Les nucléotides et acides nucléiques

petites molécules diffusibles
monomère

- ADN = - sucre et phosphate ven & extérieur
- double hélice
- Pas de OH = desoxyribose.

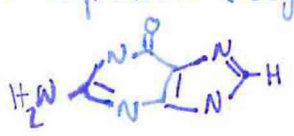
- ARN = - simple lin
- OH \Rightarrow Ribose

Dogme central de la biologie = 1 gène stocké sous forme d'ADN qui donne naissance à un ARN messager qui donne naissance à une protéine.

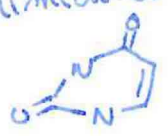
Nucléotide = base azotée + ose à 5 carbones

Nucléotide = nucléotide + phosphate.

Bases azotées = - purines (2 cycles)



- pyrimidines (1 cycle)



Tautomerie amino-imine / ceto-enolique \Rightarrow tjr. des formes méromériques présentes
Responsable de mésappariement.

Le premier lien PO \oplus fort puis \ominus fort sur 2 et 3.
d. deoxy

ADN =

Chromosome = ADN + protéines de condensat (polymères)

Appariement (Watson-Crick) par liaisons H, base pyrimidique avec base purique.
Système mineur = \ominus exposé.

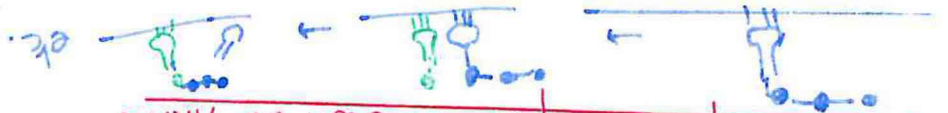
également par condensat.

Sillon majeur = base \ominus exposé

Sillon mineur = \ominus exposé.

analyse de l'ADN = spectre, électrophorèse, séquençage (on met un codon stop or des terminaisons marquées plus).
 \neq railler \Rightarrow prétraire séquence

Synthèse des protéines par traduction de l'ARN =



Ribosome = protéines + 3 ARN de railler \neq .
ARN t = anticodon qui reconnaît le codon et amène l'aa correspondant.

PCB2 = Les protéines

Biomolécules =


Protéines, acides nucléiques, sucre, lipide, petites molécules

Elles sont en homéostasie (équilibre ^{énergie + structure} dynamique), peu de réaction chimique contaminant

Les protéines

-# Humaine contient des 10^{12} de milliards de protéines ≠. (50% du poids sec).

Rôles :

- * Enzymes = catalyseurs biologiques efficaces, précis, stéréospécifiques 
- * protéines régulatrices = activateurs ou inhibiteurs d'autres protéines (contrôle des voies biochim.)
- * protéines de transport = transport et liaison dans et hors de la cellule. Beaucoup sont des protéines membranaires. (Hémoglobine).
- * Protéines de stockage = Matières premières pour d'autres réactifs biochimiques. (albumine)
- * protéines motiles et contractiles = protéines capables de mouvement et de contraction.
- * Support mécanique = organisation des structures cellulaires. "colle" et "filles" (tendons, cheveux)
- * Récepteur de stimulus (Rhodopsine (bâtonnet))
- * Protéines de protection : contre virus, bactéries...

Modes d'action :

Structure spécifique \Rightarrow interaction spécifique.

Concept de - serrure = complémentarité parfaite des structures et des propriétés moléculaires.

Repliement des protéines :

Chaque protéine adopte un repliement, une conformation spécifique et précise, unique à chaque protéine.

conformat. naturelle = native

Perte de conformat. = dénaturation. conduit généralement à son inactivation.

Structure = support direct de la fonction \Rightarrow important de la comprendre

Les protéines sont des effecteurs. La moindre perturbation peut entraîner des conséquences importantes sur l'organisme entier (mort/maladie) - protéines peuvent toucher.

1 mutation dans 1 protéine peut causer des pathologies grave, ex = Hutchinson

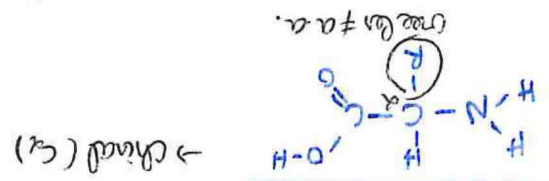
Composition:

Polymères linéaires d'acides aminés (20 ≠ Δ à l'exception !) jusqu'à 50 = peptides > 50 = protéines
 longueur = 300 à 400 a.a.
 masse = 20-45 kDa
 Fonct. dépend du repliement et de l'association de leurs unités.

Structure:

- Structure primaire → structure covalente
 - Structure secondaire → repliement local (hélice / feuillet)
 - Structure tertiaire → repliement général
 - Structure quaternaire → association éventuelle des sous-unités
- Les acides aminés sont liés les uns aux autres grâce à une réaction de condensation (réaction peptidique)

Les acides aminés



2 types d'acides aminés = L-acides aminés / D-acides aminés. 99%

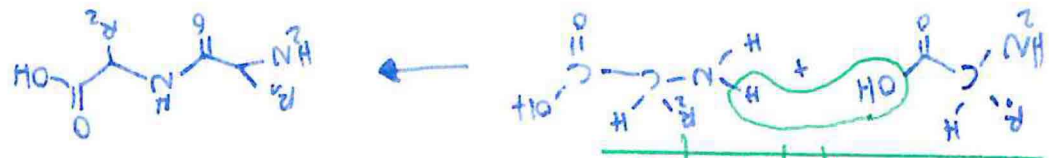


Président 2 groupes ionisables ⇒ 2 pKa / 2 zones de virage.

Tirage d'acides aminés:

Point isoelectrique
 $pH = \frac{pKa_1 + pKa_2}{2}$ \equiv pH auquel on a 100% de zwitterion
 au dessus = charge négativement
 en dessous = charge positivement

La liaison peptidique:



Extrémité avec NH_2 libre = N-terminale → à gauche
 avec COOH libre = C-terminale → à droite

Nomenclature = de NH_2 à COOH les a.a. les uns après les autres.

Point d'isoelectricité = en milieu ou isoelectrique.

On peut les classer avec un mélange de β - mercapto - ethanol.

La liaison peptidique

- polaire (e^- proche de O que de N)

N et O forment des liaisons hydrogènes.



atome C-N partiellement double ⇒ pas de rotat° autour de C-N.
 ⇒ groupe peptidique confiné dans le plan (C, C, O, N, H (protonaire))

les C se placent de part et d'autre du plan.

configuration Trans ⊕ fréquente.

Diagramme de Ramachandran = représentation des angles ϕ et ψ des liaisons ≠ protonaires.

Structures

stabilisées par des liaisons hydrogènes

Structures secondaires

due à la rigidité de la liaison C=O-

Folète alpha hélico

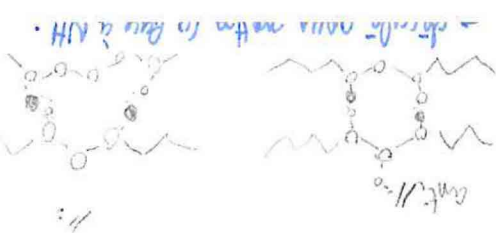
- Hélice α : a.a. on face (anti) → COO^- et NH_3^+ forment une liaison hydrogène.
 Folète α toujours droite.
 Les atomes du en parties hydrophobes de la molécule.

Région α amphipatique = a.a. hydrophobes sur un côté, a.a. hydrophiles l'autre.
 Folète α hélico β = ⇒

↳ 2 à 10 atomes

distances entre CO et NH des liaisons adjacentes

Groupe de R en haut et en bas.



des à l'extérieur de la membrane.

Souvent tension vers la droite.

Structure tertiaire

Repliage spécifique des structures secondaires. Chaque atome a sa place précisément. Dans a.a. distant sur la structure primaire peuvent être proche dans la structure tertiaire.

• liaisons = - covalentes (pour des liaisons) - non covalentes (hydrogène, ponts salins, liaisons ou ponts)

• liaisons, structures, régulées de la protéine.

"folds" = protéines de protéines similaires avec des structures et ordre ≠.

Domaines protéiques

• Beaucoup de protéines ont ≠ domaines avec à 1 fonction. Sont entre 2 domaines = boucle flexible.

Se replient indépendamment les uns des autres = "collion de perles".

Justification = homogénéisation → centrifugation → purification. Structure et fonction par séquençage et cristallographie.

Association protéique ou hétérologie (Structure IV)

Surface de contact ≠ (empêchant de mesurer) (capacité).

affériorie = phénomène qui induit un changement subtil dans la forme d'une sous-unité induit un changement similaire chez les autres sous-unités. échange gazeux par T₀ de pH.

Protéines intrinsèques, souvent à la limite de stabilité dans les conditions physiologiques. Energie nécessaire pour la dénaturation = 0,485/mot d'a.a.

Structure ne change pas au pH. L'argy a des interactions =

- repliement en entassement = lorsque la protéine progresse vers l'état natif, le nombre de conformations à explorer diminue.

- globale folds = structure primaire seulement système "folds" mais pas tertiaire.

à des protéines chaperonnes qui aident au repliement. Inverse la hydrophobie et aide à la "maturation".

monomères réduits entraînent et normalement les ponts disulfures.