



©Adobe Stock

Diviser pour mieux caractériser : hydrolyse partielle d'une protéine de blé

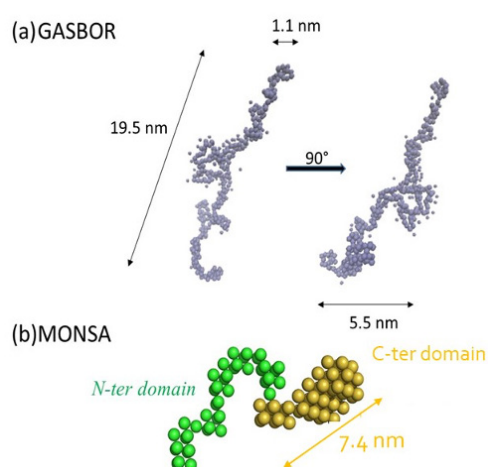


En savoir plus

Sahli L et al.

New exploration of the γ -gliadin structure through its partial hydrolysis.

International Journal of Biological Macromolecules . 2020 - [10.1016/j.ijbiomac.2020.09.136](https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2020.09.136)



©Line Sahli

Modèles basse résolution de la γ -gliadine obtenus à partir des courbes de diffusion aux rayons X aux petits angles et des logiciels GASBOR (a) (2) et MONSA (b) (3).

Contacts

Denis Renard et Adeline Boire

UR BIA

denis.renard@inrae.fr

adeline.boire@inrae.fr



Contexte

Les protéines de réserve du blé forment dans le grain des assemblages, appelés corpuscules protéiques.

Ces assemblages sont formés par des interactions qui dépendent du milieu biologique mais aussi des caractéristiques structurales intrinsèques des protéines. Toutefois, leur structure n'a pas été résolue à ce jour. Afin de sonder ces caractéristiques, nous avons entrepris une étude d'une protéine de blé, la γ -gliadine, et de ses deux domaines N-terminal (N-ter) et C-terminal (C-ter) obtenus après hydrolyse partielle. Ces protéines sont en effet connues pour avoir une grande flexibilité structurale et conformationnelle pour lesquelles les rôles de ces deux domaines sont mal définis.

L'objectif de ce travail était de revisiter la structure des gliadines à la lumière des avancées dans le domaine des protéines intrinsèquement désordonnées.

Résultats

Des méthodes biochimiques et structurales (dichroïsme, diffusion des rayons X aux petits angles, modélisation *ab initio*) ont été développées pour connaître le caractère intrinsèquement désordonné ou non de la protéine.

Les résultats ont permis de mettre en évidence le caractère

partiellement désordonné de la γ -gliadine, avec un domaine N-ter désordonné et un domaine C-ter ordonné. Un nouveau modèle tri-dimensionnel de la γ -gliadine a pu être proposé à partir de modélisation *ab initio* et de diffusion aux rayons X aux petits angles (Figure).

Par ailleurs, le domaine désordonné N-ter est résistant à l'hydrolyse enzymatique pour des raisons qui restent inconnues. Des peptides courts obtenus par synthèse chimique mimant les domaines répétés d'acides aminés présents dans le domaine N-ter ont démontré leur grande similitude structurale avec le domaine N-ter entier.

Ces peptides synthétiques pourraient ainsi servir de modèles pour mieux comprendre la résistance du domaine N-ter à l'hydrolyse et plus généralement, comprendre sa contribution au mode d'assemblage des protéines de réserve du blé.

Perspectives

Une meilleure compréhension de la structure des gliadines devrait permettre de mieux comprendre leur auto-assemblage au cours de leur synthèse dans les grains et lors de leur mise en œuvre dans les procédés des produits céréaliers.