



**HAL**  
open science

## Confirmation du modèle structural de la protéine 21kDa par cinétique enzymatique associée à la spectrométrie de masse

Caroline Teyssier, Françoise Schoentgen, Christoph Erkerskon, Friedrich  
Lottspeich

### ► To cite this version:

Caroline Teyssier, Françoise Schoentgen, Christoph Erkerskon, Friedrich Lottspeich. Confirmation du modèle structural de la protéine 21kDa par cinétique enzymatique associée à la spectrométrie de masse. 13. journées françaises de spectrométrie de masse, Sep 1996, Orléans, France. 1 p. hal-02841591

**HAL Id: hal-02841591**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02841591>**

Submitted on 7 Jun 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

## Confirmation du modèle structural de la protéine 21kDa par cinétique enzymatique associée à la spectrométrie de masse

C. Teyssier<sup>1</sup>, F. Schoentgen<sup>1</sup>, C. Erkerskon<sup>2</sup> et F. Lottspeich<sup>2</sup>

<sup>1</sup> CBM, Rue Charles Sadron, 45 071 Orléans CEDEX 2.

<sup>2</sup> Proteinanalytik, Institut Max Planck de Munich, 82152 Martinsried, Allemagne.

Une protéine soluble, basique, de poids moléculaire 21 000 Daltons a été isolée à partir de la matière grise de cerveau de boeuf. Elle est constituée par une chaîne polypeptidique unique (1). Par référence à sa masse, elle est appelée 21kDa. Cette protéine semble être assez conservée dans le règne animal, elle a été ainsi retrouvée chez de nombreux mammifères et dans de nombreux tissus.

Selon les méthodes de prédiction de structures secondaires, elle contiendrait environ 36% de feuillets bêta, 35% de bêta turns et 6% d'hélices alpha. Une modélisation moléculaire a été effectuée par homologie avec le lobe N-terminal de la phosphoglycérate kinase de levure (2). Le modèle structural défini n'ayant pas encore été confirmé par des mesures expérimentales, nous avons procédé à des cinétiques de digestions enzymatiques afin de définir les sites protéolytiques accessibles dans la structure tridimensionnelle de la protéine. Cette étude a été réalisée successivement par les endoprotéases Lys-C et Asp-N. Les fragments protéiques obtenus, après purification par HPLC, ont été identifiés par ES-MS.

Les sites enzymatiques prioritairement accessibles, qui ont été observés, sont en accord avec la prédiction du site actif du modèle structural mais aussi avec d'autres résultats expérimentaux obtenus en ES-MS lors de l'étude de l'oxydation de la protéine 21kDa. Nous avons aussi mis en évidence des sites protégés de la protéolyse. Ces derniers doivent correspondre à une zone compacte de la protéine.

(1) F. Schoentgen, F. Saccoccio, J. Jollès, I. Bernier and P. Jollès (1987) *Eur. J. Biochem.* **166**, 333-338.

(2) F. Schoentgen, N. Seddiqi, S. Bucquoy, P. Jollès, L. Lemesle-Varloot, K. Provost and J.P. Mornon (1992) *Protein Engineering* **5**, 295-303.