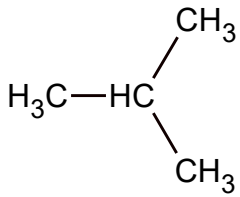
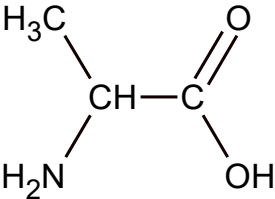
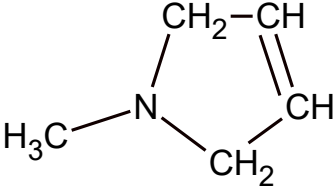
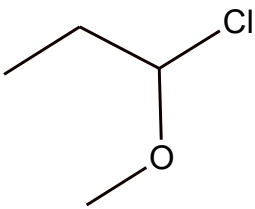


Organisation spatiales des molécules et moment dipolaire

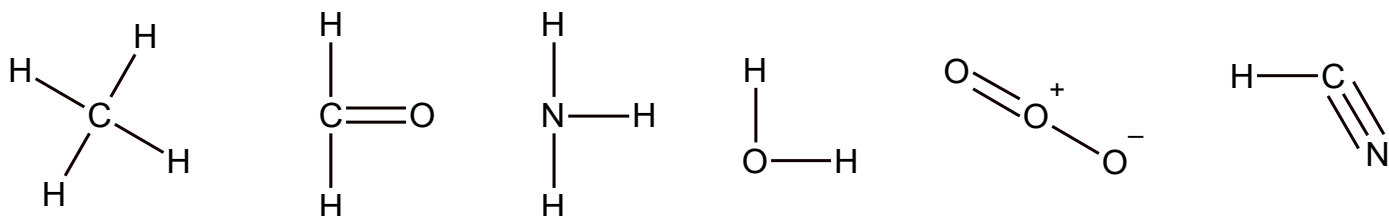
A. Représentation de Cram de quelques molécules

1. Donner la représentation de Lewis des molécules ci-dessous.
2. Sur ChemsSketch (à télécharger sur le lien suivant : [Site officiel](#)), construire la représentation de chacune de ces molécules.
3. Donner la représentation de Cram de chaque molécule.

Molécule	Représentation de Cram
	
	
	
	

B. Vérification du modèle VSEPR

1. Représenter les doublets non-liants manquants dans les molécules suivantes
2. Indiquer le type VSEPR (AX_nE_m) de chaque molécule



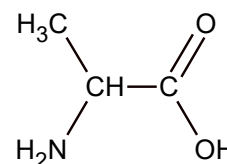
3. Construire les représentation 3D (chemsketch) de ces molécules et mesurer la valeur des angles de liaison (représenter ci-dessous les molécules et leur angles)

CH ₄	NH ₃	H ₂ O	CH ₂ O	O ₃	HCN

4. Les valeurs obtenues sont-elles conformes aux prévisions du modèle VSEPR ?

Utilisation du logiciel chemsketch

On va représenter la molécule ci-contre :



- Ouvrir le logiciel Chems sketch
- Vérifier dans la barre du haut que l'icone suivante est cochée :
- Sur la barre de gauche, sélectionner un atome de carbone (C)
- Cliquer une première fois sur la partie blanche : CH₄ s'affiche.
- Cliquer 2 autres fois au même endroit : on obtient une étoile à trois branches.
- Cliquer 2 fois à l'extrémité d'une des branches de l'étoile pour obtenir le squelette de la molécule que l'on veut représenter.
- Cliquer sur la liaison en haut à droite pour en faire une double liaison.
- Sélectionner l'atome d'azote N dans la barre de droite et cliquer sur l'atome en bas à gauche pour remplacer le carbone par un atome d'azote.
- Procéder de même avec l'oxygène pour placer les deux atomes manquants. Le logiciel rajoute de lui-même les hydrogène manquants.
- Pour voir la molécule en 3D cliquer sur « optimisation 3D » : Cette étape permet de calculer les valeurs des angles. Choisir « non » s'il propose d'enlever les hydrogènes.
- Enfin, passer en vue 3D avec le bouton :
- Dans la vue 3D, l'outil « bond angle » permet de mesurer les angles de liaison. Il faut cliquer successivement sur 3 atomes pour les mettre en surbrillance.