

Sommaire

CHAPITRE 1 De la séquence à la structure

| | | |
|------|---|----|
| 1-0 | Une vue d'ensemble : la fonction et l'architecture des protéines | 2 |
| 1-1 | Les acides aminés | 4 |
| 1-2 | Les gènes et les protéines | 6 |
| 1-3 | La liaison peptidique | 8 |
| 1-4 | Les liaisons qui stabilisent les protéines repliées | 10 |
| 1-5 | L'importance de la structure secondaire et ses déterminants | 12 |
| 1-6 | Les propriétés de l'hélice alpha | 14 |
| 1-7 | Les propriétés du feuillet | 16 |
| 1-8 | Prédire la structure secondaire | 18 |
| 1-9 | Le repliement | 20 |
| 1-10 | La structure tertiaire | 22 |
| 1-11 | La structure des protéines membranaires | 24 |
| 1-12 | La stabilité des protéines : les interactions faibles et la flexibilité | 26 |
| 1-13 | La stabilité des protéines : les modifications post-traductionnelles | 28 |
| 1-14 | Les domaines des protéines | 30 |
| 1-15 | L'univers des structures protéiques | 32 |
| 1-16 | Les motifs protéiques | 34 |
| 1-17 | Les domaines alpha et les domaines bêta | 36 |
| 1-18 | Les domaines alpha/bêta, alpha+bêta et à liaisons croisées | 38 |
| 1-19 | La structure quaternaire : les principes généraux | 40 |
| 1-20 | La structure quaternaire : les interfaces intermoléculaires | 42 |
| 1-21 | La structure quaternaire : la géométrie | 44 |
| 1-22 | La flexibilité des protéines | 46 |

CHAPITRE 2 De la structure à la fonction

| | | |
|------|---|----|
| 2-0 | Une vue d'ensemble : l'origine structurale de la fonction des protéines | 50 |
| 2-1 | La reconnaissance, la complémentarité et les sites actifs | 52 |
| 2-2 | La flexibilité et la fonction protéique | 54 |
| 2-3 | La position des sites de liaison | 56 |
| 2-4 | La nature des sites de liaison | 58 |
| 2-5 | Les propriétés fonctionnelles des protéines structurales | 60 |
| 2-6 | La catalyse : une vue d'ensemble | 62 |
| 2-7 | La géométrie du site actif | 64 |
| 2-8 | La proximité et la déstabilisation de l'état fondamental | 66 |
| 2-9 | La stabilisation des états de transition et l'exclusion de l'eau | 68 |
| 2-10 | Les réactions redox | 70 |
| 2-11 | Addition/élimination, hydrolyse et décarboxylation | 72 |
| 2-12 | La chimie des sites actifs | 74 |
| 2-13 | Les cofacteurs | 76 |
| 2-14 | Les réactions à étapes multiples | 78 |
| 2-15 | Les enzymes plurifonctionnelles | 80 |
| 2-16 | Les enzymes plurifonctionnelles possédant des tunnels | 82 |

CHAPITRE 3 Le contrôle de la fonction protéique

| | | |
|-----|---|----|
| 3-0 | Une vue d'ensemble : les mécanismes de régulation | 86 |
| 3-1 | Les domaines d'interaction des protéines | 88 |
| 3-2 | La régulation grâce à la position | 90 |
| 3-3 | Le contrôle par le pH et l'environnement redox | 92 |
| 3-4 | Les ligands effecteurs : la liaison compétitive et la coopérativité | 94 |

| | | |
|------|---|-----|
| 3-5 | Les ligands effecteurs : les changements conformationnels et l'allostérie | 96 |
| 3-6 | Les commutateurs protéiques utilisant l'hydrolyse de nucléotides | 98 |
| 3-7 | Les petites protéines G de signalisation | 100 |
| 3-8 | Le relais des signaux par les GTPases hétérotrimériques | 102 |
| 3-9 | Les commutateurs GTPasiques : la synthèse protéique | 104 |
| 3-10 | Les protéines motrices avec un rôle de commutateur | 106 |
| 3-11 | La régulation par la dégradation | 108 |
| 3-12 | Le contrôle de la fonction protéique par la phosphorylation | 110 |
| 3-13 | Le mécanisme d'action des protéines kinases de signalisation | 112 |
| 3-14 | L'activation des Cdk | 114 |
| 3-15 | Les systèmes bactériens de signalisation à deux composants | 116 |
| 3-16 | Le contrôle par protéolyse : l'activation des précurseurs | 118 |
| 3-17 | L'épissage des protéines : l'autoprotéolyse par les intéines | 120 |
| 3-18 | La glycosylation | 122 |
| 3-19 | L'adressage des protéines grâce à des modifications lipidiques | 124 |
| 3-20 | Méthylation, N-acétylation, sumoylation et nitrosylation | 126 |

CHAPITRE 4 De la séquence à la fonction

| | | |
|------|---|-----|
| 4-0 | Une vue d'ensemble : de la séquence à la fonction à l'ère de la génomique | 130 |
| 4-1 | L'alignement et la comparaison de séquences | 132 |
| 4-2 | Établir le profil des protéines | 134 |
| 4-3 | Déduire la fonction à partir de la séquence | 136 |
| 4-4 | Les outils expérimentaux pour rechercher la fonction des protéines | 138 |
| 4-5 | L'évolution divergente et l'évolution convergente | 140 |
| 4-6 | De la séquence à la structure : la modélisation par homologie | 142 |
| 4-7 | De la séquence à la structure : la méthode d'enfilage utilisant des profils et la méthode « Rosetta » | 144 |
| 4-8 | Déduire la fonction de la structure : les superfamilles de protéines | 146 |
| 4-9 | Les stratégies pour identifier les sites de liaison | 148 |
| 4-10 | Les stratégies utilisées pour identifier des résidus catalytiques | 150 |
| 4-11 | Les tonneaux TIM : une structure et des fonctions diverses | 152 |
| 4-12 | Les enzymes PLP : des structures diverses, une seule fonction | 154 |
| 4-13 | Le travail clandestin : les protéines exerçant plusieurs fonctions | 156 |
| 4-14 | Les séquences caméléons, à repliements multiples | 158 |
| 4-15 | Les prions, les protéines amyloïdes et les serpins : des repliements protéiques métastables | 160 |
| 4-16 | Les fonctions des gènes non caractérisés : la déshydratase de l'acide galactonique | 162 |
| 4-17 | Partir de zéro : un produit de gène de fonction inconnue | 164 |

CHAPITRE 5 La détermination de la structure

| | | |
|-----|---|-----|
| 5-1 | L'interprétation de l'information structurale | 168 |
| 5-2 | La détermination de la structure par cristallographie aux rayons X et par RMN | 170 |
| 5-3 | La qualité et la représentation du cristal et des structures RMN | 172 |
| | Glossaire | 175 |
| | Références | 179 |
| | Index | 185 |