

Petsko | Ringe

Structure et fonction des protéines



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	9
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 β	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 destabilisation 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	176
	Références	179
	Index	185