

Petsko | Ringe

# Structure et fonction des protéines



de boeck



# Table des matières

Les auteurs	v
Introduction à la biologie : Note de l'éditeur	vii
Avant-propos	ix
La Base de Données des Protéines : une note des auteurs	x
Remerciements	xi

## CHAPITRE 1 De la séquence à la structure

<b>1-0 Une vue d'ensemble : la fonction et l'architecture des protéines</b>	2
Les protéines sont les macromolécules les plus polyvalentes de la cellule	
Il existe quatre niveaux de structure protéique	4
<b>1-1 Les acides aminés</b>	
Les caractères chimiques des chaînes latérales des acides aminés ont des conséquences importantes sur la façon dont elles participent au repliement et aux fonctions des protéines	6
<b>1-2 Les gènes et les protéines</b>	
Il existe une relation linéaire entre la séquence de bases de l'ADN d'un gène et la séquence d'acides aminés de la protéine qu'il code	
L'organisation du code génétique reflète le regroupement chimique des acides aminés	8
<b>1-3 La liaison peptidique</b>	
Les protéines sont des polymères d'acides aminés reliés par des liaisons amide	
Les propriétés de la liaison peptidique ont des conséquences importantes sur la stabilité et la flexibilité des chaînes polypeptidiques dans l'eau	10
<b>1-4 Les liaisons qui stabilisent les protéines repliées</b>	
Les protéines repliées sont stabilisées principalement par des interactions non covalentes faibles	
Les propriétés des liaisons hydrogène de l'eau ont des effets importants sur la stabilité des protéines	12
<b>1-5 L'importance de la structure secondaire et ses déterminants</b>	
Les protéines repliées possèdent des segments de conformation régulière	
L'arrangement des éléments secondaires permet de classer facilement les différents motifs de repliement	
Les contraintes stériques dictent les types possibles de structure secondaire	
L'élément le plus simple de structure secondaire est le coude bêta	14
<b>1-6 Les propriétés de l'hélice alpha</b>	
Les hélices alpha sont des structures cylindriques polyvalentes stabilisées par un réseau de liaisons hydrogène dans le squelette	
Les hélices alpha peuvent être amphipathiques, avec une face polaire et une face non polaire	
Les hélices de collagène et de polyproline possèdent des propriétés particulières	16
<b>1-7 Les propriétés du feuillet <math>\beta</math></b>	
Les feuillets bêta sont des structures étirées qui forment parfois des tonneaux	
Les feuillets bêta amphipathiques sont présents à la surface des protéines	18
<b>1-8 Prédire la structure secondaire</b>	
Certains acides aminés sont présents plus fréquemment que d'autres dans les hélices alpha ou dans les feuillets bêta	20
<b>1-9 Le repliement</b>	
La structure repliée d'une protéine est déterminée directement par sa structure primaire	
La compétition entre les interactions au sein de la protéine et les interactions avec l'eau détermine le repliement des protéines	
Les prévisions informatiques du repliement ne sont pas encore fiables	
Les protéines membranaires hélicoïdales peuvent se replier dans la bicouche grâce à la condensation d'éléments préformés de structure secondaire	22
<b>1-10 La structure tertiaire</b>	
La condensation de multiples éléments de structure secondaire conduit à la structure tertiaire	
Les molécules d'eau liées à la surface d'une protéine repliée constituent une part importante de la structure de celle-ci	
La structure tertiaire est stabilisée par un empaquetage efficace des atomes à l'intérieur de la protéine	



<b>1-11</b>	<b>La structure des protéines membranaires</b>	24
	Les principes gouvernant les structures des protéines membranaires intrinsèques sont les mêmes que ceux qui régissent les protéines hydrosolubles et conduisent à la formation des mêmes éléments de structure secondaire	
<b>1-12</b>	<b>La stabilité des protéines : les interactions faibles et la flexibilité</b>	26
	La protéine repliée est un compromis thermodynamique	
	La structure des protéines peut être perturbée par de nombreux agents	
	La stabilité faible de la structure tertiaire de la protéine permet aux protéines d'être flexibles	
<b>1-13</b>	<b>La stabilité des protéines : les modifications post-traductionnelles</b>	28
	Les liaisons covalentes peuvent augmenter la stabilité de la structure tertiaire	
	La modification post-traductionnelle peut affecter à la fois la structure tertiaire et la stabilité d'une protéine	
<b>1-14</b>	<b>Les domaines des protéines</b>	30
	Les protéines globulaires sont constituées de domaines structuraux	
	Les domaines possèdent des cours hydrophobes	
	Les protéines à domaines multiples ont probablement évolué à partir de la fusion de gènes qui codaient au départ des protéines distinctes	
<b>1-15</b>	<b>L'univers des structures protéiques</b>	32
	Le nombre de motifs protéiques est important mais limité	
	Les structures protéiques sont modulaires et les protéines peuvent être regroupées par familles d'après les domaines qu'elles comportent	
	La nature modulaire de la structure protéique permet des insertions et des délétions dans la séquence	
<b>1-16</b>	<b>Les motifs protéiques</b>	34
	Les motifs protéiques peuvent être définis d'après leur séquence primaire ou d'après l'arrangement des éléments de structure secondaire	
	Il n'est pas facile d'identifier des motifs à partir d'une séquence	
<b>1-17</b>	<b>Les domaines alpha et les domaines bêta</b>	36
	Les domaines protéiques peuvent être classifiés suivant leurs éléments de structure secondaire	
	Le faisceau de quatre hélices et le repliement de type globine sont deux motifs courants pour les domaines alpha	
	Les domaines bêta comportent des brins reliés de deux manières différentes	
	Les feuillets bêta antiparallèles peuvent former des tonneaux et des sandwiches	
<b>1-18</b>	<b>Les domaines alpha/bêta, alpha+bêta et à liaisons croisées</b>	38
	Dans les domaines alpha/bêta, chaque chaîne d'un feuillet bêta parallèle est généralement reliée à la suivante par une hélice alpha	
	Il existe deux grandes familles de domaines alpha/bêta : les tonneaux et les enroulements	
	Les domaines alpha+bêta présentent des motifs hélicoïdaux indépendants accolés à un feuillet bêta	
	Les ions métalliques et les ponts disulfures forment des liaisons croisées dans des domaines irréguliers	
<b>1-19</b>	<b>La structure quaternaire : les principes généraux</b>	40
	De nombreuses protéines sont constituées de plusieurs chaînes polypeptidiques	
	Toutes les interactions intermoléculaires spécifiques dépendent de la complémentarité	
<b>1-20</b>	<b>La structure quaternaire : les interfaces intermoléculaires</b>	42
	Tous les types d'interactions stabilisant les protéines contribuent à la formation des interfaces intermoléculaires	
	Des interactions quaternaires inappropriées peuvent avoir des conséquences fonctionnelles graves	
<b>1-21</b>	<b>La structure quaternaire : la géométrie</b>	44
	Les assemblages protéiques constitués de sous-unités identiques sont généralement symétriques	
<b>1-22</b>	<b>La flexibilité des protéines</b>	46
	Les protéines sont des molécules flexibles	
	Les fluctuations conformationnelles dans la structure des domaines sont le plus souvent locales	
	Les mouvements dans les protéines impliquent des groupements d'atomes liés covalamment et d'atomes non liés	
	Les changements conformationnels provoqués peuvent induire de grands déplacements des chaînes latérales, des boucles ou des domaines	



## CHAPITRE 2 De la structure à la fonction

<b>2-0</b>	<b>Une vue d'ensemble : l'origine structurale de la fonction des protéines</b>	50
	Il existe de nombreux niveaux de fonctions protéiques	
	Les protéines peuvent accomplir quatre fonctions biochimiques fondamentales	
<b>2-1</b>	<b>La reconnaissance, la complémentarité et les sites actifs</b>	52
	Les fonctions protéiques telles que la reconnaissance moléculaire et la catalyse dépendent de la complémentarité	
	La reconnaissance moléculaire dépend de micro-environnements spécialisés qui découlent de la structure tertiaire de la protéine	
	Les micro-environnements spécialisés dans les sites de liaison participent à la catalyse	
<b>2-2</b>	<b>La flexibilité et la fonction protéique</b>	54
	La flexibilité de la structure tertiaire permet aux protéines de s'adapter à leurs ligands	
	La flexibilité de la protéine est essentielle à sa fonction biochimique	
	Le degré de flexibilité varie parmi les protéines selon leur fonction	
<b>2-3</b>	<b>La position des sites de liaison</b>	56
	Les sites de liaison pour des macromolécules, présents à la surface des protéines, peuvent être concaves, convexes ou plans	
	Les sites de liaison pour les petits ligands sont des fentes, des poches ou des cavités	
	Les sites catalytiques sont souvent présents au niveau des interfaces entre des domaines ou des sous-unités	
<b>2-4</b>	<b>La nature des sites de liaison</b>	58
	Les sites de liaison possèdent en général une surface hydrophobe exposée plus grande que la moyenne	
	Les sites de liaison pour les petites molécules sont le plus souvent concaves et partiellement hydrophobes	
	Les interactions faibles peuvent conduire à un échange facile de partenaires	
	Le déplacement de l'eau conduit lui aussi à des événements de liaison	
	On peut parfois distinguer les contributions à l'affinité de liaison des contributions à la spécificité de liaison	
<b>2-5</b>	<b>Les propriétés fonctionnelles des protéines structurales</b>	60
	Les protéines en tant que réseaux, connexions et échafaudages	
	Certaines protéines structurales forment uniquement des assemblages stables	
	Certaines protéines catalytiques peuvent aussi jouer un rôle structural	
	Certaines protéines structurales servent d'échafaudage	
<b>2-6</b>	<b>La catalyse : une vue d'ensemble</b>	62
	Les catalyseurs accélèrent une réaction chimique sans changer son équilibre final	
	La catalyse nécessite généralement plusieurs facteurs	
	La catalyse abaisse la barrière d'énergie d'activation d'une réaction	
<b>2-7</b>	<b>La géométrie du site actif</b>	64
	Les groupements réactifs présents dans les sites actifs sont positionnés de manière optimale pour interagir avec le substrat	
<b>2-8</b>	<b>La proximité et la déstabilisation de l'état fondamental</b>	66
	Certains sites actifs facilitent essentiellement la proximité	
	Certains sites actifs déstabilisent les états fondamentaux	
<b>2-9</b>	<b>La stabilisation des états de transition et l'exclusion de l'eau</b>	68
	Certains sites actifs stabilisent principalement les états de transition	
	De nombreux sites actifs doivent protéger leur substrat de l'eau mais doivent également rester accessibles	
<b>2-10</b>	<b>Les réactions redox</b>	70
	Un nombre relativement faible de réactions chimiques permet d'expliquer la plupart des transformations biologiques	
	Les réactions d'oxydation/réduction impliquent le transfert d'électrons et nécessitent souvent des cofacteurs spécifiques	
<b>2-11</b>	<b>Addition/élimination, hydrolyse et décarboxylation</b>	72
	Les réactions d'addition ajoutent des atomes ou des groupements chimiques à des doubles liaisons alors que les réactions d'élimination en enlèvent pour former des doubles liaisons	
	Les esters, les amides et les acétals sont clivés par une réaction avec l'eau ; leur formation nécessite le retrait de l'eau	
	La perte de dioxyde de carbone est une stratégie courante pour retirer un atome unique de carbone d'une molécule	



<b>2-12</b>	<b>La chimie des sites actifs</b>	74
	Les sites actifs favorisent les réactions de catalyse acide/base	
<b>2-13</b>	<b>Les cofacteurs</b>	76
	De nombreux sites actifs utilisent des cofacteurs pour faciliter la catalyse	
<b>2-14</b>	<b>Les réactions à étapes multiples</b>	78
	Certains sites actifs utilisent des mécanismes à étapes multiples	
<b>2-15</b>	<b>Les enzymes plurifonctionnelles</b>	80
	Certaines enzymes peuvent catalyser plusieurs réactions	
	Certaines enzymes bifonctionnelles possèdent un seul site actif	
	Certaines enzymes bifonctionnelles comportent deux sites actifs	
<b>2-16</b>	<b>Les enzymes plurifonctionnelles possédant des tunnels</b>	82
	Certaines enzymes bifonctionnelles transportent des intermédiaires instables à travers un tunnel reliant les sites actifs	
	Des enzymes trifonctionnelles peuvent transporter des intermédiaires sur de longues distances	
	Certaines enzymes possèdent également des fonctions non enzymatiques	

## CHAPITRE 3 Le contrôle de la fonction protéique

<b>3-0</b>	<b>Une vue d'ensemble : les mécanismes de régulation</b>	86
	Dans les cellules vivantes, la fonction des protéines est régulée de façon précise	
	Les protéines peuvent être dirigées vers des compartiments et des complexes spécifiques	
	L'activité des protéines peut être régulée grâce à la fixation d'un effecteur et par des modifications covalentes	
	L'activité protéique peut être régulée par la quantité d'une protéine ou sa durée de vie	
	Une même protéine peut être soumise à de nombreuses influences régulatrices	
<b>3-1</b>	<b>Les domaines d'interaction des protéines</b>	88
	Le flux d'information dans la cellule est régulé et intégré par l'utilisation combinée de petits domaines protéiques qui reconnaissent des ligands spécifiques	
<b>3-2</b>	<b>La régulation grâce à la position</b>	90
	La fonction des protéines dépend du contexte cellulaire	
	Il existe plusieurs façons de diriger les protéines dans les cellules	
<b>3-3</b>	<b>Le contrôle par le pH et l'environnement redox</b>	92
	La fonction protéique est modulée par l'environnement dans lequel agit la protéine	
	Les changements dans l'environnement redox peuvent fortement affecter la structure et la fonction des protéines	
	Les changements de pH peuvent modifier très fortement la structure et la fonction des protéines	
<b>3-4</b>	<b>Les ligands effecteurs : la liaison compétitive et la coopérativité</b>	94
	La fonction des protéines peut être contrôlée par des ligands effecteurs qui se lient de façon compétitive aux sites de fixation du ligand ou aux sites actifs	
	La liaison coopérative des effecteurs amplifie leurs effets	
<b>3-5</b>	<b>Les ligands effecteurs : les changements conformationnels et l'allostérie</b>	96
	Les molécules d'effecteurs peuvent provoquer des changements conformationnels au niveau de sites éloignés	
	L'ATCase est une enzyme allostérique avec des sites régulateurs et des sites actifs présents sur des sous-unités différentes	
	L'arrêt de la fonction d'une protéine ne signifie pas nécessairement que le site actif ou le site de fixation du ligand a été atteint	
	La fixation de protéines régulatrices de gènes à l'ADN est souvent contrôlée par des changements conformationnels induits par un ligand	
<b>3-6</b>	<b>Les commutateurs protéiques utilisant l'hydrolyse de nucléotides</b>	98
	Les changements conformationnels déclenchés par la fixation de nucléotides et leur hydrolyse sont à l'origine des propriétés de commutateurs et de moteurs des protéines	
	Tous les commutateurs protéiques utilisant des nucléotides possèdent certaines caractéristiques structurales et fonctionnelles communes	
<b>3-7</b>	<b>Les petites protéines G de signalisation</b>	100
	Le cycle de commutation de l'hydrolyse des nucléotides et l'échange dans les protéines G est modulé par la fixation d'autres protéines	
<b>3-8</b>	<b>Le relais des signaux par les GTPases hétérotrimériques</b>	102
	Les protéines G hétérotrimériques relaient et amplifient les signaux extracellulaires émis par un récepteur vers une voie intracellulaire de signalisation	



<b>3-9</b>	<b>Les commutateurs GTPasiques : la synthèse protéique</b>	104
	EF-Tu est activée en se fixant au ribosome, ce qui lui signale de libérer l'ARNt qui lui est lié	
<b>3-10</b>	<b>Les protéines motrices avec un rôle de commutateur</b>	106
	La myosine et la kinésine sont des commutateurs protéiques ATP-dépendants qui se déplacent respectivement le long des filaments d'actine et des microtubules	
<b>3-11</b>	<b>La régulation par la dégradation</b>	108
	La fonction d'une protéine peut être contrôlée par sa durée de vie	
	Les protéines sont dirigées vers les protéasomes pour y être dégradées	
<b>3-12</b>	<b>Le contrôle de la fonction protéique par la phosphorylation</b>	110
	La fonction protéique peut être contrôlée par des modifications covalentes	
	La phosphorylation est le mécanisme covalent de commutation le plus important pour le contrôle de la fonction protéique	
<b>3-13</b>	<b>Le mécanisme d'action des protéines kinases de signalisation</b>	112
	Les protéines kinases sont elles-mêmes contrôlées par phosphorylation	
	Les Src kinases s'activent et s'inhibent elles-mêmes	
<b>3-14</b>	<b>L'activation des Cdk</b>	114
	La cycline agit comme un ligand effecteur pour les kinases cycline-dépendantes	
<b>3-15</b>	<b>Les systèmes bactériens de signalisation à deux composants</b>	116
	Les transmetteurs de signaux formés de deux composants utilisent un petit changement conformationnel déclenché par la liaison covalente d'un groupement phosphate	
<b>3-16</b>	<b>Le contrôle par protéolyse : l'activation des précurseurs</b>	118
	La protéolyse limitée peut activer des enzymes	
	Les hormones polypeptidiques sont produites par protéolyse limitée	
<b>3-17</b>	<b>L'épissage des protéines : l'autoprotéolyse par les intéines</b>	120
	Certaines protéines contiennent des intéines qui s'auto-excisent	
	Le mécanisme d'autocatalyse est similaire pour les intéines des organismes unicellulaires et la protéine Hedgehog des métazoaires	
<b>3-18</b>	<b>La glycosylation</b>	122
	La glycosylation peut modifier les propriétés d'une protéine et fournir des sites de reconnaissance	
<b>3-19</b>	<b>L'adressage des protéines grâce à des modifications lipidiques</b>	124
	La liaison covalente de lipides dirige les protéines vers les membranes et vers d'autres protéines	
	Les GTPases qui dirigent le trafic membranaire intracellulaire sont associées de manière réversible aux membranes internes de la cellule	
<b>3-20</b>	<b>Méthylation, N-acétylation, sumoylation et nitrosylation</b>	126
	Les processus biologiques fondamentaux peuvent également être régulés par d'autres modifications post-traductionnelles des protéines	

## CHAPITRE 4 De la séquence à la fonction

### Des études de cas en génomique structurale et fonctionnelle

<b>4-0</b>	<b>Une vue d'ensemble : de la séquence à la fonction à l'ère de la génomique</b>	130
	La génomique apporte une contribution de plus en plus importante à l'étude de la structure et de la fonction des protéines	
<b>4-1</b>	<b>L'alignement et la comparaison de séquences</b>	132
	La comparaison de séquences fournit une mesure de la relation entre les gènes	
	L'alignement est la première étape dans la détermination d'une éventuelle similitude entre deux séquences	
	Les alignements multiples et les arbres phylogénétiques	
<b>4-2</b>	<b>Établir le profil des protéines</b>	134
	Les données structurales peuvent faciliter la découverte de protéines apparentées à l'aide de comparaisons de séquences	
	Les motifs et les patrons de séquence et de structure permettent d'identifier des protéines de fonctions biochimiques similaires	
	Les profils de familles de protéines peuvent être créés à partir d'alignements multiples de familles de protéines dont on connaît des structures représentatives	
<b>4-3</b>	<b>Déduire la fonction à partir de la séquence</b>	136
	L'information obtenue sur la séquence augmente de manière exponentielle	
	Dans certains cas, on peut déduire la fonction à partir de la séquence	
<b>4-4</b>	<b>Les outils expérimentaux pour rechercher la fonction des protéines</b>	138
	La fonction d'un gène peut parfois être établie expérimentalement sans information sur la structure ou l'homologie de séquence de la protéine correspondante	



4-5	<b>L'évolution divergente et l'évolution convergente</b>	140
	L'évolution a produit un nombre relativement limité de repliements protéiques et de mécanismes catalytiques	
	Les protéines dont la séquence et la structure sont différentes peuvent avoir convergé vers des sites actifs, des mécanismes catalytiques et des fonctions biochimiques similaires	
	Les protéines ayant une similitude faible de séquence mais une structure globale et des sites actifs très ressemblants sont probablement homologues	
	L'évolution convergente et l'évolution divergente sont parfois difficiles à distinguer	
	L'évolution divergente peut produire des protéines avec une similitude de séquence et de structure mais des fonctions différentes	
4-6	<b>De la séquence à la structure : la modélisation par homologie</b>	142
	On peut déduire la structure à partir de la séquence en se référant aux structures et repliements protéiques connus	
	On utilise la modélisation par homologie pour déduire la structure d'une séquence, en se référant à la structure d'un homologue proche	
4-7	<b>De la séquence à la structure : la méthode d'enfilage utilisant des profils et la méthode « Rosetta »</b>	144
	Avec la méthode d'enfilage utilisant des profils, on essaie de prédire la structure d'une séquence même en l'absence d'homologues de séquence connus	
	La méthode Rosetta tente de prédire la structure protéique à partir de la séquence, sans aide d'une structure ou d'une séquence homologue	
4-8	<b>Déduire la fonction de la structure : les superfamilles de protéines</b>	146
	Les membres d'une superfamille structurale remplissent souvent des fonctions apparentées	
	Les quatre superfamilles de protéases à sérine sont des exemples d'évolution convergente	
	Des familles étroitement apparentées de protéines peuvent exécuter des fonctions biochimiques et biologiques complètement différentes	
4-9	<b>Les stratégies pour identifier les sites de liaison</b>	148
	Les sites de liaison peuvent parfois être localisés dans les structures tridimensionnelles des protéines uniquement grâce à des techniques informatiques	
	Les techniques expérimentales pour localiser les sites de liaison sont actuellement plus efficaces que les techniques informatiques	
4-10	<b>Les stratégies utilisées pour identifier des résidus catalytiques</b>	150
	La mutagenèse dirigée permet d'identifier des résidus impliqués dans la fixation ou la catalyse	
	Les résidus du site actif dans une structure peuvent parfois être reconnus informatiquement d'après leur géométrie	
	Les programmes d'arrimage moléculaire permettent de modéliser la fixation des ligands	
4-11	<b>Les tonneaux TIM : une structure et des fonctions diverses</b>	152
	Connaître la structure d'une protéine ne permet pas toujours de prédire son site biochimique ou ses fonctions cellulaires	
4-12	<b>Les enzymes PLP : des structures diverses, une seule fonction</b>	154
	La fonction biochimique et le mécanisme catalytique d'une protéine ne permettent pas nécessairement de prédire sa structure tridimensionnelle	
4-13	<b>Le travail clandestin : les protéines exerçant plusieurs fonctions</b>	156
	Les protéines à fonctions multiples permettent d'augmenter le nombre de fonctions protéiques exécutables pour des génomes pluricellulaires relativement petits	
4-14	<b>Les séquences caméléons, à repliements multiples</b>	158
	Certaines séquences d'acides aminés peuvent adopter différentes structures secondaires selon le contexte structural	
4-15	<b>Les prions, les protéines amyloïdes et les serpines : des repliements protéiques métastables</b>	160
	Une même séquence peut adopter plusieurs structures stables	
4-16	<b>Les fonctions des gènes non caractérisés : la déshydratase de l'acide galactonique</b>	162
	Déterminer la fonction biochimique à partir de la séquence et de la structure devient plus facile lorsque le nombre de membres identifiés d'une même famille augmente	
	Des alignements basés sur la conservation de résidus qui effectuent la même réaction chimique dans le site actif des enzymes permettent d'identifier davantage de membres d'une même famille que les comparaisons de séquences seules	
	Chez les organismes modèles très étudiés, l'information provenant de la génétique et de la biologie cellulaire peut aider à identifier le substrat d'une enzyme « inconnue » et la réaction catalysée par celle-ci	



#### 4-17 Partir de zéro : un produit de gène de fonction inconnue

La fonction ne peut pas toujours être déterminée à partir de la séquence, même avec l'aide d'informations structurales et d'une intuition sur la réaction chimique exécutée par la protéine

## CHAPITRE 5 La détermination de la structure

### 5-1 L'interprétation de l'information structurale

Les structures des protéines déterminées expérimentalement sont le résultat de l'interprétation de différents types de données

L'exactitude et la précision d'une structure peuvent varier

Le contenu informationnel d'une structure est déterminé grâce à sa résolution

### 5-2 La détermination de la structure par cristallographie aux rayons X et par RMN

La cristallographie des protéines nécessite l'addition des ondes diffractées des rayons X à partir d'un cristal macromoléculaire

La spectroscopie par RMN implique la détermination des distances entre les noyaux des atomes, en mesurant les perturbations entre les résonances attribuées aux atomes dans la protéine en solution

### 5-3 La qualité et la représentation du cristal et des structures RMN

La qualité d'une structure finie dépend fortement de la quantité de données recueillies

On peut utiliser différentes conventions pour représenter les structures des protéines dans des cas distincts

#### Glossaire

#### Références

#### Index



Petsko | Ringe

# Structure et fonction des protéines

## Les protéines, au centre de la vie

Les protéines constituent un élément central des organismes vivants. Leurs structures et leurs fonctions sont fascinantes et complexes. La révolution récente de la génomique et la mise au point de techniques informatiques d'analyse et de manipulation de la structure des protéines ont profondément bouleversé notre compréhension de l'univers de la biologie.

Cet ouvrage nous permet de comprendre de manière approfondie les liens multiples qui existent entre la séquence, la structure et la fonction des protéines. Il traite également du contrôle de la fonction des protéines par des mécanismes ingénieux mis en place au cours de l'évolution.

## Un ouvrage de conception originale

Le principe modulaire du livre en fait un outil de choix pour l'apprentissage, l'enseignement, les révisions et la recherche ponctuelle de renseignements. Chaque chapitre est découpé en sujets d'une double page qui contiennent leur propre glossaire et les définitions fondamentales qui les concernent. Grâce à cette structure nouvelle, ce livre sera particulièrement adapté aux besoins des étudiants, enseignants et chercheurs.

## Traduction de l'anglais

Chrystelle Sanlaville a obtenu une maîtrise de biochimie à l'Université de Paris VI. Elle a effectué six mois de recherche sur les myopathies mitochondriales à Clermont-Ferrand avant de se consacrer à la traduction d'ouvrages de biochimie, génétique, etc. pour les Éditions De Boeck.

Dominique Charmot-Bensimon est Maître de conférences à la faculté des Sciences de Luminy, Université de la Méditerranée, et enseigne la biologie moléculaire et la génétique en Licence.

- Qualité des illustrations en couleurs
- Organisation du texte par double page
- Définitions de termes choisis, au bas de chaque double page
- Glossaire en fin d'ouvrage

ISBN : 978-2-8041-5888-0



PETSKO