

Programme Structure / Fonction des protéines (S. Nessler)

OAV1 : Connaître le principe d'un test d'activité enzymatique et des différentes techniques de mesures d'interaction protéine-ligand

- Décrire des méthodes de suivi des réactions enzymatiques (mesures directes ou indirectes, par spectrophotométrie, marquage radioactif...) à partir de plusieurs exemples
- Savoir calculer des vitesses de réaction à partir de cinétiques et en déduire les paramètres cinétiques pour des enzymes répondant au modèle de Michaelis en appliquant les équations et représentations graphiques adéquates.
- Citer différents types d'enzymes et décrire quelques mécanismes catalytiques
- Distinguer un enzymes Michaelien d'un enzyme allostérique. Savoir expliquer les différents types de coopérativité et citer des exemples.
- Savoir utiliser la notion de site actif et de résidus catalytiques pour expliquer des résultats expérimentaux issus de tests enzymatiques.
- Savoir écrire les équations régissant les interactions protéine-ligand (hyperbole de saturation, Scatchard) et les appliquer à plusieurs méthodes de détection pour déterminer les constantes de dissociation et le nombre de sites.

OAV2 : Déciffrer une structure protéique et les complexes protéine-protéine ou protéine-ADN.

- Décrire le principe de différentes techniques de mesures d'interaction protéine-protéine (calorimétrie, SPR)
- Déciffrer une structure 3D de protéine, identifier les différentes chaines polypeptidiques et domaines.
- Réaliser un diagramme topologique de protéine
- Connaître les propriétés des principaux motifs protéiques d'interaction avec l'ADN
- Décrire la structure de l'ADN
- Décrire les techniques de séquençage de l'ADN (chimique et enzymatique) et les techniques d'analyse d'interaction protéine-ADN (EMSA, footprint)
- Identifier les interactions spécifiques et non-spécifiques entre ADN et protéines

OAV3 : Rechercher des protéines homologues et rechercher et comparer des structures 3D protéiques.

- Utiliser les banques de séquences (Uniprot) et de structures (Protein Data Bank)
- Discuter la notion de similarité de séquence
- Réaliser et analyser une comparaison de séquences par BLAST et un alignement multiple par CLUSTAL
- Réaliser et analyser une comparaison de structures 3D par PDBeFold
- Formuler le principe général et les limites des différentes techniques de détermination de structures 3D