



# Biochimie Structurale



Niveau d'étude  
BAC +3



ECTS  
4 crédits



Composante  
Faculté des  
Sciences

## Présentation

### Description

Cet enseignement offre un approfondissement en biochimie structurale des biomolécules, plus particulièrement des protéines et des acides nucléiques.

Les notions de base et la nomenclature utilisées pour l'analyse des structures 3D des protéines y sont brièvement reprises (diagramme de Ramachandran, motif et domaine structuraux, repliement, famille, superfamille, etc.....). Ces notions sont complétées par l'étude de la stabilité et de la dynamique des biomolécules.

La classification structurale des protéines est détaillée en fonction des 4 principaux types de repliement. Les relations structure-fonction sont illustrées à l'aide d'exemples de protéines. Les spécificités des structures des protéines membranaires (protéines intégrales, protéines liées à la membrane) sont abordées.

Les principaux outils de modélisation et de prédiction de structures secondaires et tertiaires sont présentés.

Les différentes structures et fonctions des acides nucléiques sont étudiées. Les complexes protéine-acide nucléiques sont décrits d'un point de vue structural (principaux motifs de reconnaissance, ...) et les notions de spécificité de reconnaissance sont détaillées.

Cet enseignement est illustré en travaux dirigés. Ces travaux consistent à se familiariser avec les principales bases de données utilisées en biologie structurale ainsi qu'avec le logiciel PyMol pour l'analyse des structures 3D.

### Objectifs

Cet enseignement permet d'appréhender une problématique biologique à l'échelle moléculaire. L'étudiant.e saura décrire et analyser toutes les structures de biomolécules et pourra identifier les déterminants moléculaires essentiels aux interactions entre biomolécules et comprendre leur importance. Il, elle sera en mesure d'explorer les relations structure-fonction.

À l'issue de cet enseignement, l'étudiant.e doit pouvoir étudier tous types de biomolécules en 3D à l'aide du logiciel de son choix. Il doit être capable de donner les informations structurales précises, par exemple la distance entre une protéine et un ligand ainsi que l'organisation spatiale.

### Pré-requis nécessaires

HAV201V, HAV204V