

En raison de la crise du COVID-19, les informations ci-dessous sont susceptibles d'être modifiées, notamment celles qui concernent le mode d'enseignement (en présentiel, en distanciel ou sous un format comodal ou hybride).

5 crédits	30.0 h + 30.0 h	Q1
-----------	-----------------	----



Cette unité d'enseignement n'est pas dispensée cette année académique !

Langue d'enseignement	Français
Lieu du cours	Charleroi
Thèmes abordés	Cette unité d'enseignement s'articule autour 1) des protéines de manière générale (relation structure-fonction, activité enzymatique, régulations, protéomique), 2) de notions de métabolisme
Acquis d'apprentissage	<ul style="list-style-type: none"> • percevoir la relation structure-fonction au niveau des protéines • comprendre le rôle des enzymes dans la catalyse des réactions chimiques et comprendre la signification des paramètres enzymatiques classiques caractérisant une enzyme • percevoir les différents niveaux de régulation permettant d'ajuster l'abondance et l'activité d'une enzyme dans un contexte cellulaire particulier • comprendre ce que signifie homéostasie et les principes de base du métabolisme cellulaire • percevoir les interconnexions entre les différentes voies métaboliques abordées, et la signification de modifications d'abondance de métabolites <p>-----</p> <p><i>La contribution de cette UE au développement et à la maîtrise des compétences et acquis du (des) programme(s) est accessible à la fin de cette fiche, dans la partie « Programmes/formations proposant cette unité d'enseignement (UE) ».</i></p>
Modes d'évaluation des acquis des étudiants	En raison de la crise du COVID-19, les informations de cette rubrique sont particulièrement susceptibles d'être modifiées. Examen oral
Méthodes d'enseignement	En raison de la crise du COVID-19, les informations de cette rubrique sont particulièrement susceptibles d'être modifiées. Enseignement présentiel classique majoritairement : tableau + power point Illustration des concepts lors des séances d'exercices
Contenu	<p>1. Protéines : relation structure-fonction</p> <ul style="list-style-type: none"> . Niveaux de structure – insister sur la notion de domaine protéique (y compris d'un point de vue évolution des génomes et protéomes) . Folding (principes, données de cristallographiques vs modélisation) et dénaturation . Activité enzymatique : <ul style="list-style-type: none"> . Les enzymes sont des catalyseurs . Comment mesurer une activité enzymatique (et loi de Michaelis-Mentem) <ul style="list-style-type: none"> . Un exemple de mécanisme enzymatique détaillé (chymotrypsine) . Paramètres cinétiques : <ul style="list-style-type: none"> • Energie d'activation à kcat • Affinité à Km . Classes d'enzymes (E.C. numbers) . Régulations : allostérique, modifications post-traductionnelles, clivage, partenaire protéique, compartimentalisation . Autres niveaux de régulation : l'abondance protéique dépend de l'expression génique, de la maturation et stabilité des transcrits, du taux de traduction et de dégradation protéique <i>Think out of the box : 1) moonlighting proteins 2) l'acétylation de la cyclooxygenase par l'aspirine (inhibiteur) modifie son activité</i> <p>1. Métabolisme</p> <ul style="list-style-type: none"> . Bioénergétique et métabolisme : <ul style="list-style-type: none"> • Cata vs anabolisme • Key actors : ADP/ATP et NAD(P)+ /NAD(P)H

	<ul style="list-style-type: none">• Thermodynamique (Steady state, ΔG°, ΔG, K_{eq}). Métabolisme du glucose (glycolyse, TCA, OXPHOS)
Faculté ou entité en charge:	EPL

Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Bachelier en sciences informatiques	SINC1BA	5		