

## Étude de la structure d'un anticorps

- Sur une page web, aller sur **libmol.org**.
- dans fichier taper : **anticorps**, puis sélectionner : **modèle théorique d'un anticorps complet**
- Avec les différentes fonctions du site vous devez :

- 1) **décrire la forme de l'anticorps**
- 2) **d'identifier le nombre de chaînes qui le compose et de réaliser un schéma simple**
- 3) **d'indiquer de combien d'acides aminés est composé chaque chaîne.**
- 4) **sur la fin des séquences des deux premières chaînes identifier le nature des derniers éléments.**

- Sur une nouvelle fenêtre web, refaites les mêmes manipulations en choisissant dans le fichier : **immunoglobuline humaine GP120 complète.**

- 5) **Identifier où sont les différences entre les chaînes , en les faisant apparaître avec des sphères une couleur choisie.**
- 6) **Réaliser un tableau de comparaison entre les deux anticorps**

**Sélection par ligne de commande**

**LibMol**

Fichiers Commandes Séquence

Sélectionner Q

Tout Protéines ADN/ARN

Glucides Eau Autres

Représenter

Sphères Boules et bâtonnets Bâtonnets

Rubans Squelette

Colorer

Atomes Chaînes Résidus

Structure Nature Palette

**Aide contextuelle (au survol d'une commande)**

**Coloration par chaînes**

La coloration par chaînes identifie les différentes chaînes présentes dans le modèle moléculaire et les colore de manière distincte.

Les principales chaînes identifiées sont :

- les **protéines**, constituées d'une ou plusieurs chaînes d'acides aminés,
- les **acides nucléiques** (ADN et ARN), constituées de chaînes de nucléotides.

**Remarque:** la sélection active et ses propriétés apparaissent en **bleu**

**Espace de travail**

Hémoglobine humaine oxygénée

Distance

Réglages : couleur arrière plan, plan de coupe,...

Capture d'écran

Mesure de distances

Survol à la souris : nom de l'atome du résidu et de la molécule

Clic gauche : rotation

Clic droit : translation

Molette : zoom

Code couleur de la dernière coloration utilisée

Affichage des noms au survol

% atomes sélectionnés et masqués (surbrillance au survol)

Chânes : A B C D

**Mode séquence**

A	B	C	D
VAL	VAL	VAL	VAL
LEU	HIS	LEU	HIS
SER	LEU	SER	LEU
PRO	THR	PRO	THR
ALA	PRO	ALA	PRO
ASP	GLU	ASP	GLU
LYS	GLU	LYS	GLU
THR	LYS	THR	LYS
ASN	SER	ASN	SER
VAL	ALA	VAL	ALA
LYS	VAL	LYS	VAL
ALA	THR	ALA	THR
ALA	ALA	ALA	ALA
TRP	LEU	TRP	LEU
GLY	TRP	GLY	TRP
LYS	GLY	LYS	GLY
LYS	LYS	LYS	LYS

**Chânes du modèle. En bleu, chaîne entièrement sélectionnée**

**Clic droit :** masquer/montrer un résidu ou une chaîne

**Survol d'un résidu ou d'une chaîne :** Identification et mise en surbrillance

**Les résidus sélectionnés apparaissent en bleu**

**Sélections prédéfinies**

**Modèles de représentation appliqués à la sélection**

**Couleurs appliquées à la sélection**

**Mesure de distances**

Hémoglobine humaine oxygénée

Activer la mesure de distances

Effacer les mesures réalisées

Repérage en rouge, des atomes choisis pour la mesure (cliquer pour sélectionner)

1.54 nm

Atome : carbone CA Res: Alanine ALA 272 Chaîne: B HEMOGLOBIN BETA CHAIN