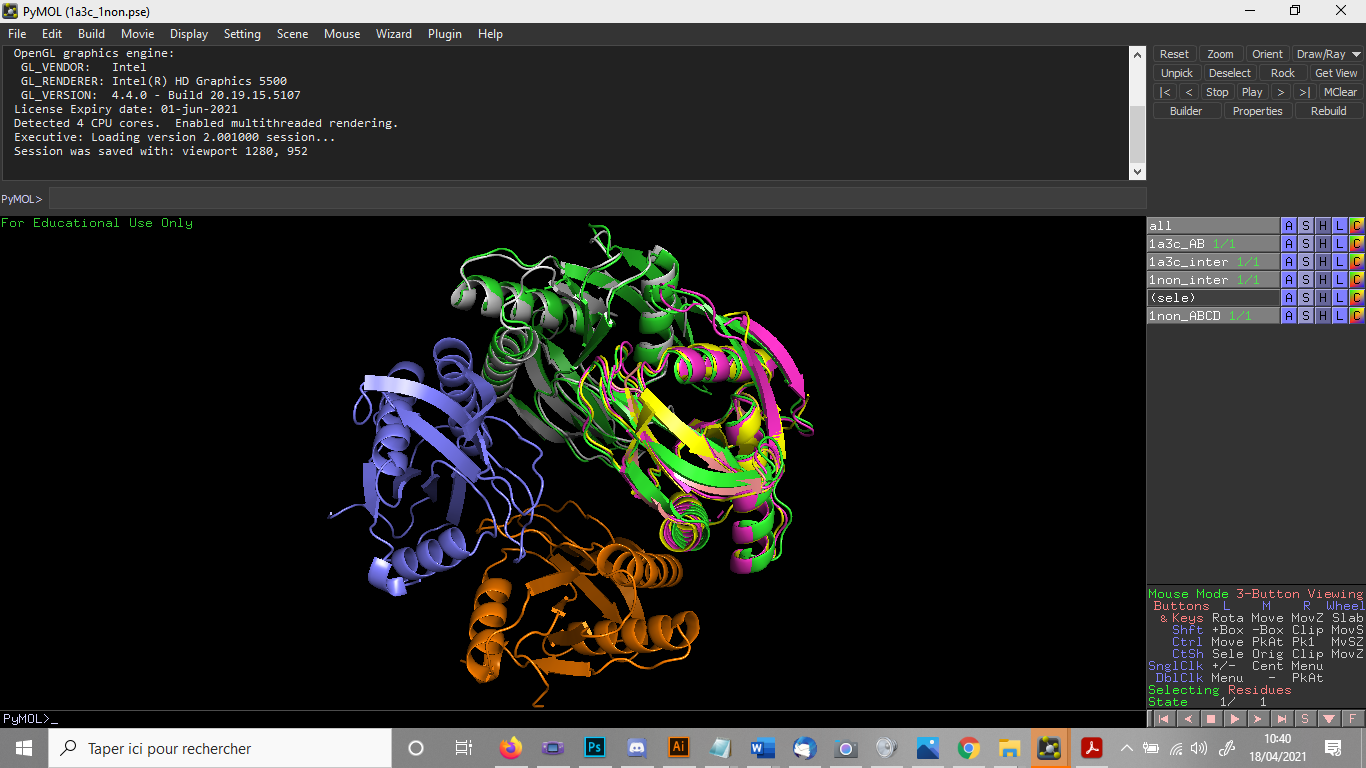
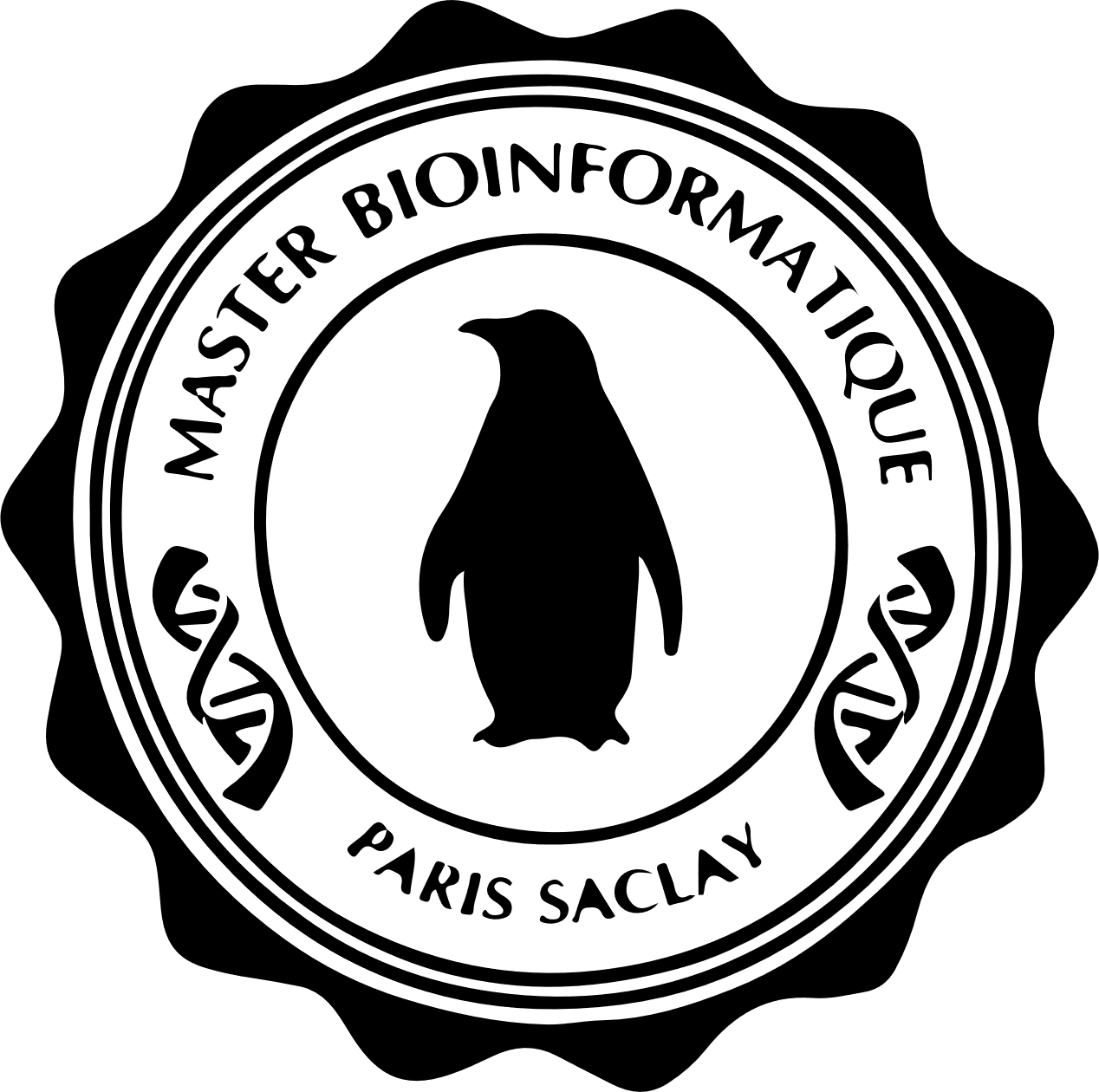
Projet Dimères/Tétramères

# UE BIOINFO- STRUCTURALE II

### MASTER BIBS

## Julia von Grafenstein et Virginie Noël







# INTRODUCTION

Un homéomère peut être décrit comme une structure quaternaire protéique forme par un groupe d’une protéine se liant à des copies d’elle-même, et on peut l’observer dans les 60% des structures quaternaire protéiques connu. Malgré cette prévalence, tout n’est pas connu sur les mécanismes d’évolutions menant à la création des homéomères.

Un article publie par Levy et all en 2008 à tenter d’explorer cette dernière question avec une analyse de plus de 2000 différentes structures. Entre autres elle traite sur les tétramères, des homéomères composés de 4 sous-unités et dimères, avec 2 sous-unités.

Vu les propositions de l’évolution a temps biparti des tétramères que fait l’article de modelé de la création successive et non simultanés de deux types d’interfaces de, on peut se demander si ces deux types d’interfaces, qu’on nommera ancestrale et récente selon leur temps d’appariations, ont des propriétés différentes et si oui permettent -elle de comprendre les déterminants structuraux ayant permis l'émergence des premiers dimères puis des tétramères ?

On tentera le long de ce rapport d’explorer ces interrogations, avec d’abords une description des données utilisés, manipulations employées sur ces données pour montre les propriétés, et comment ces dernières ont été analyser. Ensuite, avec une description des résultats de l’analyse, suivi par une interprétation et finalement une conclusion.

# MATERIELS ET METHODES

## Données

Le jeu de données utilisé est compose de structures sous le format PDB 21 couples d’homologues homéomeres,composés d’un dimére et d’un tretamere. Avec les données structurales, aussi est fourni sous la forme d’un bfactor prenant les valeurs 0, 1 et 2 si les acides amines appartient a une interface et si oui si elle correspond au type récentes ou ancestrale.

[capture d’encran]

## Manipulation des données

Les scores de conservation des acides aminés (score consurf) ont été obtenus grâce au site <https://consurf.tau.ac.il/>. Les paramètres n’ont pas été modifiés.

Le script Python écrit lors des cours pour générer les fichiers csv de la séance 2 a été remanié et réutilisé pour obtenir des fichiers similaires pour chaque monomère. Les fichiers obtenus contiennent des informations sur la taille de la surface et de l’interface, leur composition en acides aminés et le nombre des types d’acides aminés hydrophobes, polaires ou chargés.

# RESULTATS

# CONCLUSION

# ANNEXE