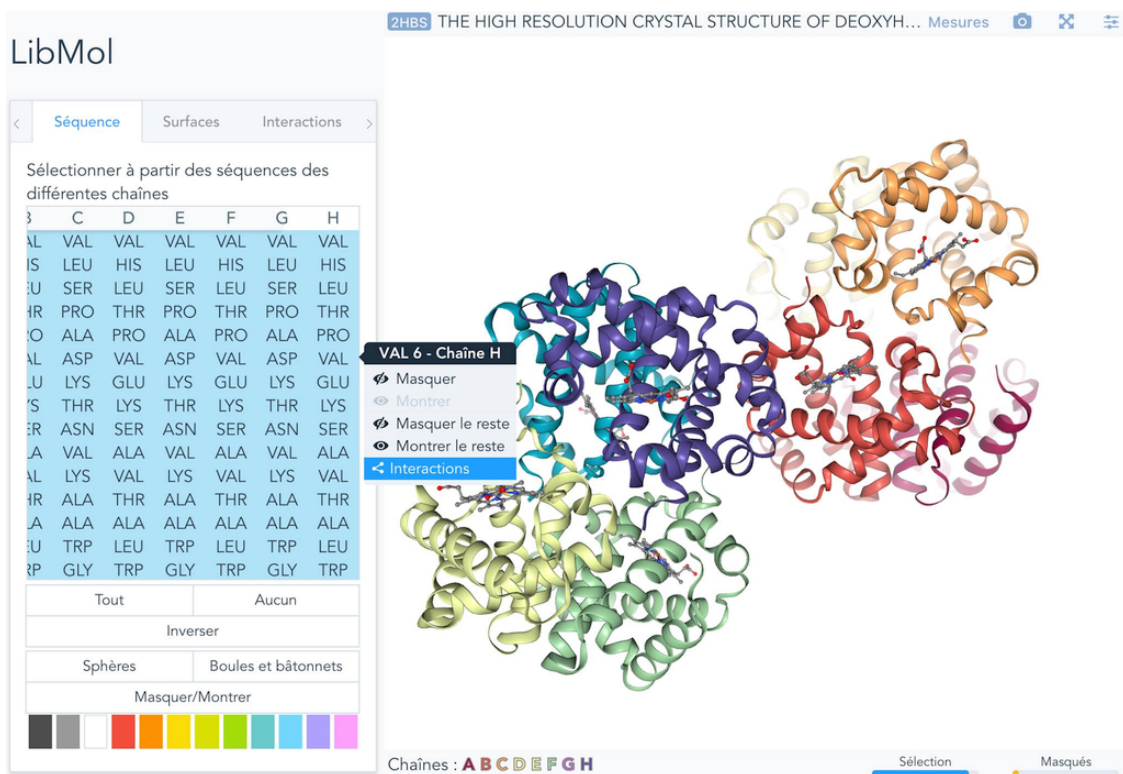


Libmol : nouvelle fonction pour analyser les contacts entre les molécules

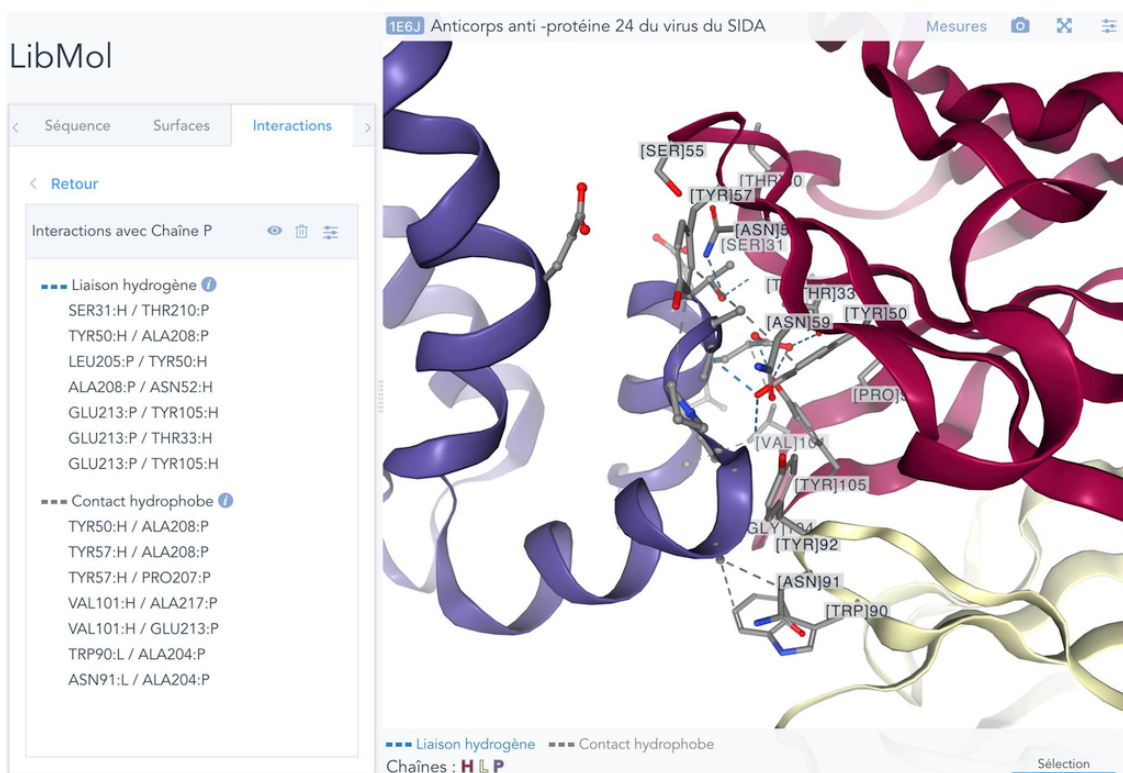
Il est maintenant possible de mettre en évidence les résidus qui se trouvent au contact d'une chaîne ou bien d'un autre résidu et de déterminer quelles sont les interactions chimiques au niveau de ce contact.

Les applications sont nombreuses :

- Contact entre les chaînes de l'hémoglobine dans la drépanocytose,



- contact entre antigène et anticorps,



- contact entre testostérone et récepteur aux androgènes,
- contact entre p53 et ADN,
- contact entre enzyme et substrat, etc...).

La fonctionnalité est accessible par menu contextuel (clic droit) dans la fenêtre de visualisation ou bien dans la fenêtre de séquence. Un panneau supplémentaire a été également ajouté pour définir le contact voulu à partir de menus.

Les caractéristiques de la représentation (apparence, coloration, etc...) peuvent être modifiées via le panneau « interactions » où s'affiche également la liste des paires de résidus impliquées dans le contact.

Source : [Eric Jourdan 29 octobre 2018 Actualités](#), [Brèves](#), [Logiciels SVT](#)