

## Protocole de TP

### Visualisation de la CFTR avec LibMol

1. Ouvrir deux onglets [LibMol](#) dans votre navigateur Internet.
2. Ouvrir le modèle moléculaire d'un fragment de la protéine CFTR d'un individu sain dans un onglet, d'un individu malade dans l'autre.
3. Dans l'onglet « Commandes », modifier l'affichage de la molécule en « Bâtonnets » et sa couleur (rouge).
4. Dans l'onglet « Séquences », chercher le *phe508* (passer la souris sur la séquence pour voir afficher les numéros d'acides aminés), le sélectionner puis l'afficher en « Boules et bâtonnets » et le colorer en bleu. Sélectionner l'acide aminé qui le précède (*ile507*), l'afficher de la même façon et le colorer en orange. Sélectionner l'acide aminé qui lui succède (*gly509*), l'afficher de la même façon et le colorer en orange.
5. Faire le même travail avec le modèle moléculaire de la CFTR d'un individu malade.

*Attention, en raison de la délétion de l'acide aminé phe508, le gly509 suivant devient gly508.*