

SVT	Thème 3B : Produire le mouvement : contraction musculaire et apport d'énergie	Term Spé SVT
TP/TD	Chapitre 1 : La cellule musculaire : une structure spécialisée permettant son propre raccourcissement	ESTHER

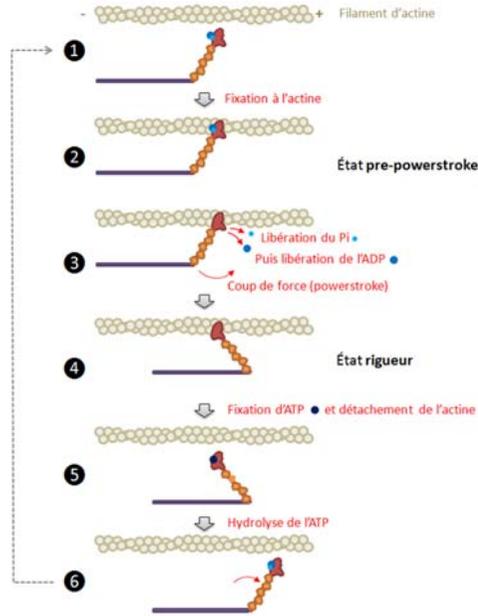
Partie 2 - Un changement de conformation moléculaire à l'origine d'un raccourcissement du muscle

La contraction musculaire traduit un raccourcissement des sarcomères réalisé par les filaments d'actine et de myosine.

La mise en mouvement de ces sarcomères nécessite de l'énergie sous forme d'ATP (notion développée ultérieurement) qui assure un changement de forme de la myosine et une mobilité relative entre actine et myosine.

Le cycle d'interactions moléculaire permettant le raccourcissement du sarcomère est décrit ci-contre.

Dans cette partie, nous allons donc chercher à mieux comprendre les interactions entre myosine et actine et à quantifier le déplacement de ces 2 molécules dont l'activité est à l'origine de la contraction du muscle (organe).



Etape 1 - Visualiser et orienter les filaments d'actine et de myosine dans le modèle moléculaire proposé

Consigne 1A : à partir du fichier proposé, de la fiche technique logiciel et des documents ressources, orientez votre molécule de façon à ce que le bout + de l'actine soit à droite de l'écran puis colorez d'une couleur le filament d'actine, et de deux autres couleurs les 2 filaments de myosines du modèle.

Documents ressources

Ressource 1 – Orientation de l'actine : les premiers et derniers acides aminés (ASP et PHE) des chaînes X et Y de l'actine se situent du côté + de l'actine. Dans ce cas, on verra alors sur la gauche la myosine en état pré-powerstroke, et sur la droite en état rigueur.

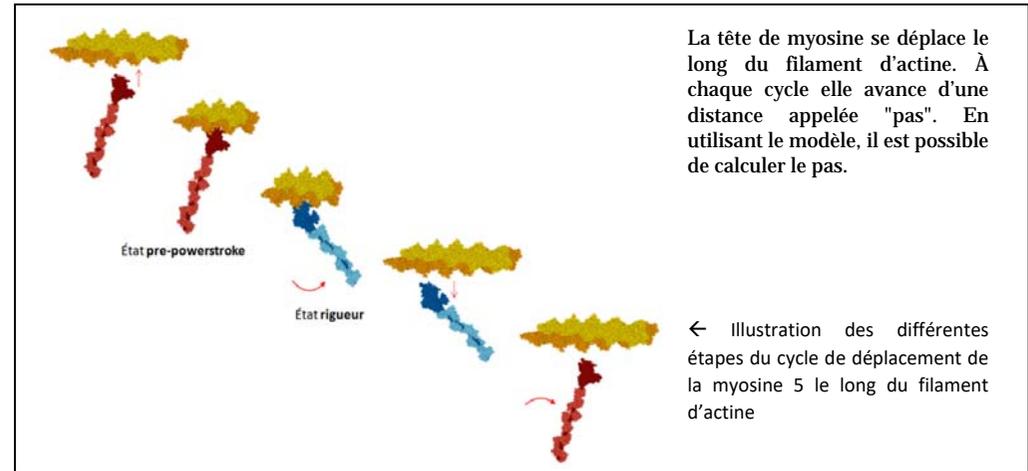
Ressource 2 – Légendes des chaînes du fichier MYO5_RIGOR_PPS.PDB

- Chaîne A : chaîne lourde de la Myosine V en état rigueur (domaine moteur obtenu avec le pdb 1OE9, bras de levier modélisé à partir du pdb 2DFS).
- Chaînes B C D E F G : chaînes légères de la Myosine V en état rigueur, réorientées d'après le pdb 2DFS de façon à suivre l'inclinaison du bras de levier.
- Chaîne H : chaîne lourde de la Myosine V en état pré-powerstroke (domaine moteur obtenu avec le pdb 5HMP, bras de levier modélisé à partir du pdb 2DFS).
- Chaînes I J K L M Z : chaînes légères de la Myosine V en état pré-powerstroke, positionnées sur le bras de levier selon le pdb 2DFS.
- Chaînes N O P Q R S T U V W X Y : filament d'actine dont la structure a été résolue en présence de myosine V (Wulf *et al.*, 2016 - *Force-producing ADP state of myosin bound to actin*. PNAS). La

(Source des documents - <http://svt.enseigne.ac-lyon.fr/>)

Consigne 1B : Réalisez une (ou plusieurs) capture(s) d'écran de votre modèle que vous légenderez et titrez.

Etape 2 - Mesurer le déplacement de la tête myosine dans le modèle moléculaire proposé

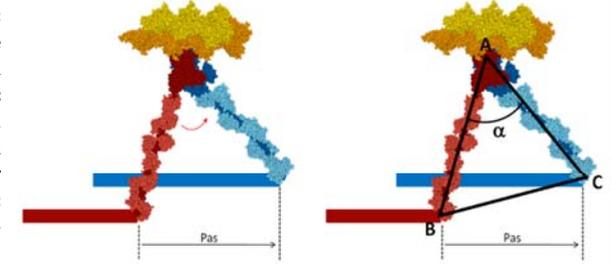


La tête de myosine se déplace le long du filament d'actine. À chaque cycle elle avance d'une distance appelée "pas". En utilisant le modèle, il est possible de calculer le pas.

← Illustration des différentes étapes du cycle de déplacement de la myosine 5 le long du filament d'actine

Consigne 2A : à partir du fichier proposé et du document ressource, déterminez la longueur du pas (en nanomètre) réalisé par la molécule de myosine à chaque cycle de contraction.

Principe : L'angle alpha n'est pas directement accessible, mais il peut être obtenu à partir des mesures de l'angle du bras de levier avec le filament d'actine dans les deux états pré-powerstroke et rigueur. Les acides aminés choisis sont le n°45 du protomère d'actine situé après celui sur lequel est fixé la myosine, ainsi que les acides aminés n°531 et 909 de la chaîne lourde de myosine V.



Théorème d'Al-Kashi : $BC^2 = AC^2 + AB^2 - 2 \times AC \times AB \times \cos(\alpha)$

D'où Pas = $BC = \sqrt{AC^2 + AB^2 - 2 \times AC \times AB \times \cos(\alpha)}$

Protocole :

- Afficher tout en « boules et bâtonnets »
- Dans l'onglet « Commandes », dans la partie « Sélectionner », écrire : « **.ca and (909:H 531:H 45:N)** » puis afficher en « sphères »
- Mesurer l'angle** entre les 3 acides aminés (avec l'acide aminé 531 au sommet de l'angle) et mesurer la longueur de la chaîne de myosine (entre les acides aminés 909 et 531)
- Dans l'onglet « Commandes », dans la partie « Sélectionner », écrire : « **.ca and (909:A 531:A 45:R)** » puis afficher en « sphères »
- Mesurer l'angle entre les 3 acides aminés (avec l'acide aminé 531 au sommet de l'angle) et mesurer la longueur de la chaîne de myosine (entre les acides aminés 909 et 531)
- Déterminer l'angle alpha en déduisant la valeur d'angle de l'état de rigueur (obtenu à l'étape 5) de la valeur d'angle de l'état pré-powerstroke (obtenu) à l'étape 3
- Appliquer la formule du théorème d'Al-Kashi pour déterminer le pas

Consigne 2B : Réalisez une (ou plusieurs) capture(s) d'écran de votre travail que vous légenderez et titrez.