

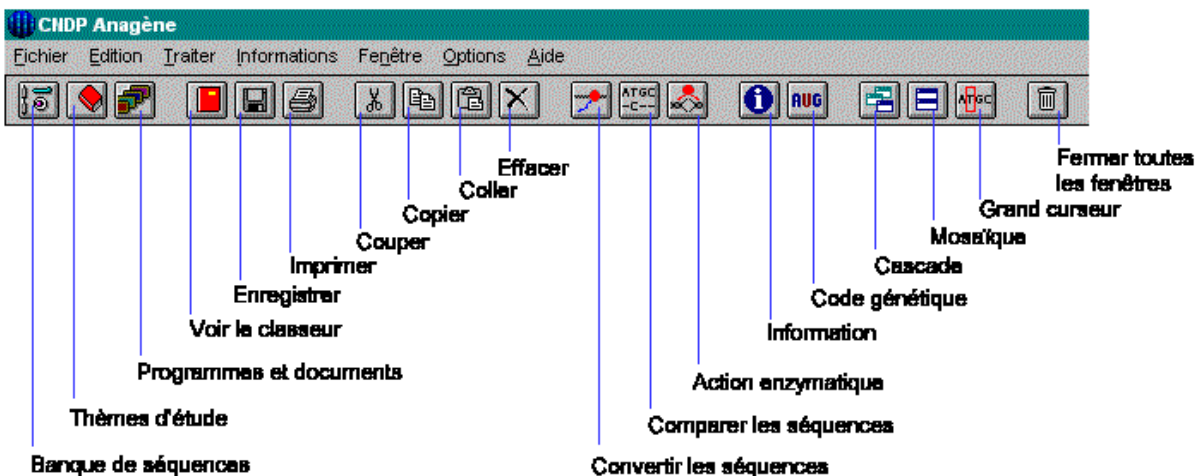


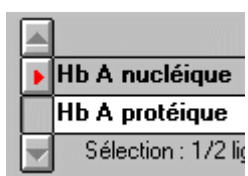
**LA REGION VARIABLE D'UNE IMMUNOGLOBULINE**

Un individu possède une grande diversité d'anticorps qui fixent différents antigènes. **On cherche à localiser et caractériser la zone de l'anticorps capable de fixer l'antigène.** On dispose de séquences partielles de différents anticorps anti-antigènes du VIH<sup>1</sup> (anti-p24 et anti-gp120) ainsi que des fichiers de modélisation moléculaire correspondants.

<b>Matériel :</b>		
<ul style="list-style-type: none"> <li>- ordinateur avec logiciel ANAGENE et logiciel RASTOP tous deux accessibles sur le bureau (icônes)</li> <li>- fiches techniques de chaque logiciel</li> <li>- fichier ANAGENE « VIH2.edi » à charger à partir du répertoire « sauve » d'ANAGENE</li> <li>- fichiers RASTOP « anti24.pdb » et « anti120.pdb » constitués chacun de l'antigène et du fragment d'anticorps spécifique, à charger à partir du répertoire de travail habituel</li> </ul>		
Activités et déroulement des activités	Capacités	Barème
<i>Un anticorps – ou immunoglobuline – est constitué de 4 chaînes polypeptidiques : 2 chaînes lourdes (H) et 2 chaînes légères (L). Seule la partie terminale de ces chaînes est séquencée dans les fichiers fournis.</i>		
1- <b>Ouvrir</b> avec le logiciel ANAGENE <b>le fichier</b> « VIH2.edi » à partir du répertoire « sauve » puis <b>effectuer une comparaison</b> entre les séquences des chaînes légères d'une part, des chaînes lourdes d'autre part.	<b>Utiliser un logiciel de traitement de données</b>	5
<b>Appeler l'examineur pour vérification</b>		
2- Pour chaque type de chaîne, <b>délimiter</b> une région globalement variable et une région globalement constante, avec les positions des acides aminés le long des chaînes ; <b>reporter ces valeurs dans un tableau</b> à double entrée.	<b>Utiliser un logiciel de traitement de données</b> <b>Représenter des données sous forme d'un tableau</b>	5
3- <b>Ouvrir</b> avec le logiciel RASTOP <b>les fichiers de molécules</b> « anti24.pdb » et « anti120.pdb » et <b>obtenir un affichage</b> simultané des 2 représentations moléculaires à l'écran.		2
<b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Utiliser un logiciel de visualisation de modèles</b>	
4- Pour chaque molécule, <b>représenter l'antigène</b> (appelé P) sous forme de sphères rouges et la partie variable de l'anticorps identifiée en question 2 sous forme de sphères vertes (chaîne L) et bleues (chaîne H).		3
5- A partir de l'ensemble des résultats obtenus, <b>précisez</b> en quelques lignes la localisation et les caractéristiques de la zone de fixation de l'antigène sur l'anticorps.	<b>Appliquer une démarche explicative</b>	4
6- En fin d'épreuve, <b>fermer</b> les logiciels.	<b>Gérer et organiser le poste de travail.</b>	1

<sup>1</sup> VIH : virus de l'immunodéficience humaine (S.I.D.A.)

## LA REGION VARIABLE D'UNE IMMUNOGLOBULINE

Les icônes de la barre d'outils		Numérotation des éléments d'une séquence	
			Echelle de repérage des nucléotides
			Attention au décalage des numéros
		On passe de l'échelle numérotant les nucléotides à celle des acides aminés en cliquant sur l'échelle	
Editer une séquence		Sélectionner une séquence	
Sélectionner cette séquence dans l'un des répertoires d'Anagène : <ul style="list-style-type: none"><li>- Banque de séquences</li><li>- Thèmes d'étude</li><li>- Programmes et documents</li></ul> ou par <b>Fichier/ Ouvrir/ sauve</b>			Cliquer sur le <b>bouton de sélection</b> . La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut sélectionner plusieurs séquences. La <b>flèche rouge</b> indique la ligne pointée, sur laquelle il est possible d'obtenir des informations et que l'on peut déplacer à l'aide des flèches grises, haut - bas.
Traiter une séquence		Comparer des séquences	
Utiliser pour cela le menu <i>traiter</i> . On peut <b>comparer les séquences</b> ou <b>convertir ces séquences</b> . Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.		La comparaison des séquences ne peut se faire que sur des séquences de même nature. Les flèches grises haut-bas permettent de placer la séquence de référence. On peut effectuer : <ul style="list-style-type: none"><li>- <b>une comparaison par alignement</b> qui permet de comparer avec discontinuités, en éliminant les décalages résultant de délétion(s) ou d'insertion(s),.</li><li>- <b>une comparaison simple</b>, point par point des séquences sans aucun alignement.</li></ul> <b>Attention :</b> les valeurs affichées sont soit des ressemblances, soit des différences	
Informations sur la ou les séquence(s) sélectionnée(s)			
Utiliser le menu <i>informations</i> / sur la ligne pointée pour obtenir des informations sur la sélection : soit d'une ligne, soit de toutes les lignes en cliquant d'abord devant « traitement ».			
Créer des séquences			
Ouvrir le menu <b>Fichier Sélectionner « créer »</b> puis Choisir le type de séquence et lui <b>donner un nom</b> . Taper ou choisir dans la fenêtre d'édition de séquences, votre séquence.			
<b>ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours celle qui est placée en premier.</b>			

## LA REGION VARIABLE D'UNE IMMUNOGLOBULINE

Fiche technique de RASTOP

Pictogrammes de la barre de menu		Quelques détails des menus
		<p><b>Fichier / ouvrir</b> : affiche à l'écran la molécule sélectionnée</p> <p><b>Fichier / Imprimer</b> : imprime la molécule affichée ou celle qui est sélectionnée</p> <p><b>Editer / sélectionner/Expression</b> : même fonction que l'éditeur de commande (cf pictogramme)</p> <p><b>Atomes/Représentation/rayon fixe</b> : permet de fixer le diamètre des sphères</p> <p><b>Rubans</b> permet d'afficher la molécule en ruban, sous la forme du squelette carboné notamment</p> <p><b>Fenêtres/Mosaïque</b> : permet d'afficher plusieurs molécules si plusieurs fichiers ont été ouverts</p>
Sélection et choix de la représentation de la partie sélectionnée dans la fenêtre active		Informations sur les molécules
	<p><b>avec l'éditeur de commandes</b></p> <p>* sélectionne l'ensemble des chaînes affichées dans la fenêtre (permet aussi d'annuler toute sélection plus serrée)</p> <p>*L sélectionne la chaîne L</p> <p>114 sélectionne l'acide aminé n°114 de toutes les chaînes</p> <p>20-75 sélectionne les acides aminés du n°20 au n°75</p> <p>*L, *H sélectionne les chaînes L et H</p> <p>*L and 20-75 sélectionne les acides aminés de 20 à 75 de la chaîne L</p> <p> Palette de couleurs : permet le choix d'une couleur qui affectera la sélection et une couleur de fond (choisir fond blanc pour l'impression)</p>	<p><b>avec les pictogrammes de choix</b></p> <p> Permet de sélectionner 1 atome en cliquant dessus</p> <p> Permet de sélectionner 1 chaîne</p> <p> Affiche ce qui est sélectionné, re cliquer pour revenir à l'affichage standard</p> <p><b>avec les pictogrammes « affichage »</b></p> <p> Sphères permet d'afficher la sélection sous forme de sphères</p> <p> Rubans permet d'afficher la molécule sélectionnée sous la forme d'un ruban</p>
<p><b>Observation d'une molécule en profondeur</b></p> <p>L'icône « front » et les deux flèches juxtaposées à droite assurent un déplacement en avant et en arrière de la molécule par rapport à l'écran.</p>		<p>Le nom des chaînes est donné au bas de l'écran en passant le curseur de souris sur la chaîne (fréquemment H pour chaîne lourde, L pour légère), P ou Y pour les antigènes.</p> <p>Seule la partie terminale des anticorps est modélisée quand il ne s'agit pas de la molécule entière.</p> <p>Ce qui est affiché correspond à la molécule dont la séquence complète est affichée dans ANAGENE.</p> <p><b>ZOOM</b> : shift tenu, bouton gauche de la souris enfoncé, avancer la souris : Zoom avant</p>

**ATTENTION, LA SELECTION NE PRODUIT PAS D'EFFET VISIBLE SI, APRES, IL N'Y A PAS DE COMMANDE (COULEUR, AFFICHAGE...)**