

## LA REGION VARIABLE D'UNE IMMUNOGLOBULINE

Fiche sujet - candidat

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.** Pour cela on dispose de séquences partielles de différents anticorps (anti-p24 et anti-gp120) dirigés contre des antigènes du VIH (Virus de l'Immunodéficience Humaine) ainsi que des fichiers de modélisation moléculaire correspondant aux complexes anticorps-antigène.

Matériel :

- ordinateur avec logiciel GENIEGEN et logiciel RASTOP tous deux accessibles sur le bureau (icônes), fiches techniques des deux logiciels
- fichier « VIH2.edi » contenant les séquences des chaînes lourdes et légères des anticorps anti-p24 et anti-gp120, à charger à partir du répertoire « sauve » de GENIEGEN
- fichiers RASTOP «anti24.pdb » et «anti120.pdb » constitués chacun de l'antigène et de la partie terminale d'un des bras courts de l'anticorps spécifique, à charger à partir du répertoire de travail

Activités et déroulement des activités	Capacités	Barème
<i>Un anticorps – ou immunoglobuline – est constitué de 4 chaînes polypeptidiques identiques deux à deux : 2 chaînes lourdes (H) et 2 chaînes légères (L). Chaque chaîne est constituée d'une partie variable et d'une partie constante. Seule la partie terminale de ces chaînes est séquencée dans les fichiers fournis.</i>		
<b>1- Indiquer</b> sur la fiche réponse-candidat, quelles séquences il est pertinent de comparer pour identifier la partie variable de chaque anticorps. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Comprendre la manipulation</b>	1
<b>2- Charger</b> avec le logiciel GENIEGEN le fichier « VIH2.edi » à partir du répertoire « sauve » puis <b>utiliser</b> les fonctionnalités du logiciel pour <b>traiter</b> les séquences des chaînes polypeptidiques constituant l'anticorps afin de mettre en évidence les régions constantes et variables de chaque chaîne. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Utiliser un logiciel de traitement de données</b>	5
3- Pour chaque type de chaîne, <b>repérer</b> les limites de la région globalement variable et de la région globalement constante, avec les positions des acides aminés le long des chaînes. <b>Construire</b> alors un tableau comparatif des positions de chaque région dans les deux types de chaînes sur la fiche réponse-candidat et y reporter ces valeurs.	<b>Représenter des données sous forme d'un tableau</b>	5
<b>4- Ouvrir</b> avec le logiciel RASTOP les fichiers de molécules « anti24.pdb » et « anti120.pdb » et <b>obtenir</b> un affichage simultané des 2 représentations moléculaires à l'écran. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Utiliser un logiciel de visualisation de modèles</b>	1
5- Pour chaque molécule, <b>représenter</b> l'antigène (appelé chaîne P) sous forme de sphères rouges et la partie variable de l'anticorps identifiée en question 2 sous forme de sphères vertes (chaîne L légère) et bleues (chaîne H lourde).	<b>Utiliser un logiciel de visualisation de modèles</b>	4
6- A partir de l'ensemble de ces observations, <b>précisez</b> en quelques lignes la localisation et les caractéristiques des zones de fixation de l'antigène sur l'anticorps.	<b>Appliquer une démarche explicative</b>	4