Activité 4: Propriétés structurales et fonctionnelles des anticorps

Les résultats d'un test Ouchterlony montrent qu'après la pénétration dans l'organisme d'un antigène (= élément étranger à l'organisme capable de déclencher une réponse immunitaire visant à l'éliminer), l'organisme produit des anticorps, aussi appelés immunoglobulines, spécifiques de l'antigène qui a pénétré. Ces anticorps sont capables de se lier à l'antigène qui a déclenché leur production pour former un complexe immun.

On souhaite montrer qu'il existe une grande variabilité des anticorps, permettant ainsi de reconnaître les différents antigènes existants tout en montrant l'origine de la spécificité d'un anticorps pour un antigène.

1. **Proposer une stratégie de résolution réaliste permettant de répondre à ce problème.**

2. **Mettre en œuvre un protocole** de résolution pour obtenir des résultats exploitables

Matériel disponible et protocole d'utilisation du matériel	
Ressource Les dossier immunoglobulines anti VIH présente les séquences protéiques des chaînes de différents anticorps spécifiques de différents antigènes du VIH: chaque anticorps est identifié par une code (exemple 1E6J), la chaîne H correspond à la séquence d'une chaîne longue ou lourde (heavy) et la chaîne L correspond à la séquence d'une chaîne courte ou légère (light) de l'anticorps. Les modèles moléculaires proposés présentent l'anticorps humain spécifique du lysozyme (chaînes I, M, L et H) et une partie de cet anticorps (début des chaînes H et L) lié à son antigène le lysozyme (chaîne Y) . Ils seront utilisés pour illustrer les données issues de l'étude des anticorps anti vih.	
Matériel	**Protocole**
Logiciel **Anagène** de traitement de séquences -Fichier **igg-sida.edi**: séquences protéiques d'un anticorps anti-vih dans fichier/banque de séquences/séquences personnelles/immunologie - Dossier espace commun des classes/TS/Docxuments en consultation/SVT/act4 Logiciel **RASTOP** de visualisation de modèles moléculaires - Fichier **IGGTOTAL.PDB**: modèle moléculaire d'un anticorps humain spécifique du lysozyme (= enzyme anti-bactérienne) du blanc d'œuf de poule dans *Fichiers/Ouvrir/Molécules Rastop/ Immunoglobuline* *- Fichier* **IGG-LYS***: modèle moléculaire d'une* partie de l'anticorps humain anti-lysozyme lié à son antigène, le lysozyme dans Fichier/Ouvrir/Rastop/molécules/immunoglobulines	**Avec le logiciel Anagène** **Traiter** les séquences des chaînes d'acides aminés constituant l'anticorps anti-vih **Traiter** les chaînes lourdes d'une part puis les chaînes légères des différents anticorps anti VIH afin de déterminer leurs points communs. **Avec le logiciel RASTOP** **Traiter** les différentes régions du modèle moléculaire de l'anticorps humain spécifique du lysozyme afin de mettre en valeur: - les différentes chaînes de cet anticorps ainsi que leurs liaisons (*N.B : Réaliser d'abord l'affichage des liaisons, se limiter aux ponts disulfures, type bâtonnet, rayon = 250 R.U*). *- les régions variables d'un anticorps.* **Traiter** la partie de l'anticorps spécifique du lysozyme fixé à son antigène afin de mettre en valeur: - l'antigène - le site du déterminant antigénique de l'antigène du Lysozyme se situant des aa 18 à 28

3. **Présenter les résultats pour les communiquer. (avec paint/word/poxer point)**

4. **Exploiter** les résultats obtenus pour répondre au problème posé