

Problème : Comment un anticorps peut-il être spécifique d'un antigène donné ?

Hypothèse : Sa structure moléculaire lui permet une complémentarité tridimensionnelle avec un antigène.

Protocole : Il faut observer la structure moléculaire d'un anticorps et en particulier sa zone de fixation avec son antigène spécifique.

Utilisation du logiciel LIBMOL en ligne.

- En fonction des consignes orales : Rechercher le fichier « **modèle théorique d'un anticorps complet** » (il s'agit d'un Ac circulant) ou ouvrez le fichier **IGGTOTAL.pdb** (Ac humain spécifique du lysozyme de blanc d'œuf de poule) rangé dans le répertoire SVT
- Représenter la molécule en sphères
- L'anticorps a une forme de « Y » : tourner la molécule pour la placer dans le bon sens
- Colorer par chaînes : Repérer les quatre chaînes d'acides aminés qui constituent cet anticorps en colorant par chaîne : on en trouve deux courtes qualifiées de légères et deux longues qualifiées de lourdes.
- Passer la souris sur chaque chaîne, leur nom s'affiche : les chaînes légères : L et M et les lourdes H et I
- Représenter ensuite la molécule en rubans. La partie en sphères est un assemblage de glucides hors-programme qu'il faut masquer : aller dans « séquence », puis rechercher les 18 glucides (ils sont notés en rouge en fin de séquence des deux chaînes lourdes) : les sélectionner tous et les masquer.
- Visualiser les liaisons covalentes qui relient les diverses chaînes de l'AC : ce sont les **ponts disulfures** (= liaison covalente entre deux atomes de soufre de deux acides aminés cystéine). Cliquer sur l'icône dans le coin en haut à droite de votre écran puis « afficher les ponts disulfures ». Repérez en particulier les ponts entre chaînes lourdes et entre chaînes lourdes et légères
- Mesurer ainsi la hauteur de la molécule : Utilisez l'outil « mesures » en haut à droite (cliquer à deux endroits de la molécule).

Compte rendu : Faites une copie d'écran légendée et titrée de cet anticorps (les légendes correspondent à toutes les observations faites précédemment)

Utilisation du logiciel ANAGENE2

- Ouvrir le fichier **IGGTOTAL.edi** : utilisez les modalités du logiciel pour comparer les 4 chaînes du même anticorps (**AC spécifique du lysozyme de blanc d'œuf de poule**) : H et I (chaînes lourdes), puis L et M (chaînes légères)
- Même chose pour le fichier **2IGG1ind.edi** qui permet de comparer les chaînes de 2 anticorps différents (comparaison par discontinuité) : comparez les deux chaînes lourdes H1 et H2 et les deux chaînes légères L1 et L2 et repérez les parties constantes et les parties variables.

A partir de ces observations, quelle partie des anticorps est capable de se fixer à un antigène ?
+ Expliquez l'existence d'une grande diversité d'anticorps dirigés contre une grande diversité d'antigènes.

Copies d'écran titrées et légendées attendues

Ouvrir le fichier « **Anticorps anti-lysozyme** » qui représente d'extrémité d'une seule branche d'un anticorps en complexe avec son antigène, le **lysozyme** du blanc d'œuf de poule.

- Utiliser l'affichage en sphère, puis la coloration par chaîne pour distinguer les diverses chaînes :
 - H = chaîne lourde de l'Ac
 - L = chaîne légère de l'Ac
 - Y = l'antigène : lysozyme
- Dans l'onglet « séquence », choisissez une couleur différente afin de colorer spécifiquement les acides aminés de la chaîne H en contact avec l'antigène 30-31 / 52-53-54 / 100-101-102
- Faire la même chose avec une autre couleur pour les acides aminés de la chaîne L en contact avec l'antigène 32 / 49-50 / 91-92-93

A partir de ces observations, faites le lien avec les séquences anagènes vues précédemment et montrez l'importance de certains acides aminés dans les chaînes lourdes et légères des anticorps dans la formation d'un complexe avec l'antigène.