

## Le CMH

Le complexe majeur d'histocompatibilité a été mis en évidence lors d'études sur les antigènes des groupes sanguins, en remarquant que malgré une identité ABO et rhésus, certaines greffes étaient rejetées.

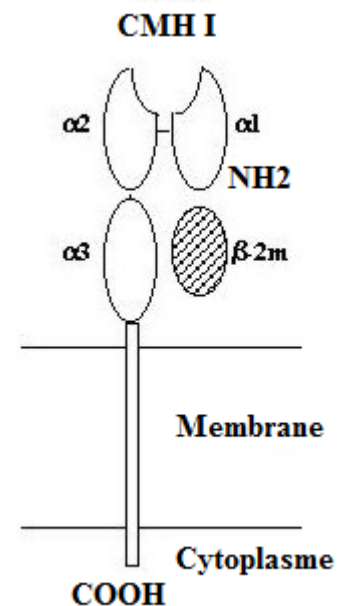
### 1° Les marqueurs du CMH :

#### 1.1. Structure :

##### 1.1.1. CMH de classe I :

Ce sont des glycoprotéines membranaires constituées d'une chaîne  $\alpha$  transmembranaire associées à une petite protéine extracellulaire  $\beta$ 2 micro-globuline.

Cette structure forme une cavité permettant la liaison à un peptide antigénique. La  $\beta$  micro-globuline est essentielle au maintien de la structure de la membrane. En son absence, la chaîne  $\alpha$  n'est pas exprimée.



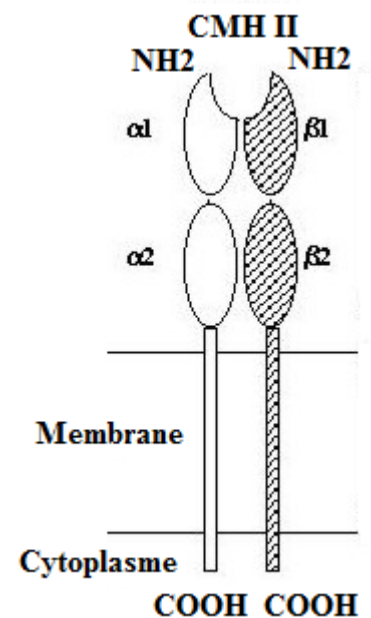
##### 1.1.2. CMH de classe II :

Ce sont des glycoprotéines membranaires constituées de deux chaînes  $\alpha$  et  $\beta$  associées par des liaisons mono-covalentes.

Les domaines  $\alpha$ 1 et  $\beta$ 1 sont renforcés par des ponts disulfures. Ils interagissent l'un avec l'autre pour former une cavité de liaison et de présentation de peptide antigénique semblable à celle de la molécule de base I.

#### 1.2. Liaison dipeptide aux molécules du CMH :

Chaque individu n'exprime qu'un faible nombre de molécules de CMH différents. Ce nombre limité doit être capable de présenter 110 acides aminés, ce qui implique que la fixation des peptides sur les molécules du CMH soit très peu spécifique.



<b>CMH</b>	<b>I</b>	<b>II</b>
<b>Domaine de liaison</b>	$\alpha 1-\alpha 2$	$\alpha 1-\beta 1$
<b>Taille des peptides</b>	8 à 10 aa	13 à 18 aa
<b>Présentation du peptide</b>	Ancrage aux extrémités. Peptide en forme d'un arc au-dessus de la cavité.	Ancrage au niveau de tous les acides aminés. Le peptide se retrouve situé dans le fond de la cavité.
<b>Origine du peptide</b>	Intracellulaire	Extracellulaire

### **1.3. Répartition tissulaire :**

Le CMH I est présent sur toutes les cellules somatiques nucléées. Cela exclut donc les hématies.

Le CMH II est présent uniquement chez les cellules présentatrices de l'antigène.

## **2° Polymorphisme du CMH :**

### **2.1. Mise en évidence :**

Lorsque l'on séquence les gènes codant pour les molécules de CMH, on remarque que dans une espèce donnée certains sites peuvent contenir de nombreux acides aminés. Ce problème s'il rend difficile l'identification des molécules de CMH, il permet l'augmentation du nombre de ces peptides présentés par les molécules de CMH dans l'organisme.

### **2.2. Origine génétique :**

Les gènes codants pour la molécule de CMH sont situés sur le chromosome 6. La variabilité des molécules observées n'est pas due à une recombinaison génétique aléatoire.

Les différents allèles observés sont codés par la présence de nombreux allèles sur les gènes. L'ADN de ces allèles diffère de 5 à 10% d'un individu à l'autre pour une même espèce, on parle alors de polymorphisme génétique.

Un individu donné exprime tous les allèles.