

LE POLYMORPHISME DES ETRES HUMAINS

On a identifié 3 principaux gènes codant les protéines du système HLA (système de marqueurs cellulaires responsables de l'identité immunologique de chaque individu). Ces 3 gènes sont situés sur le même chromosome, le n°6.

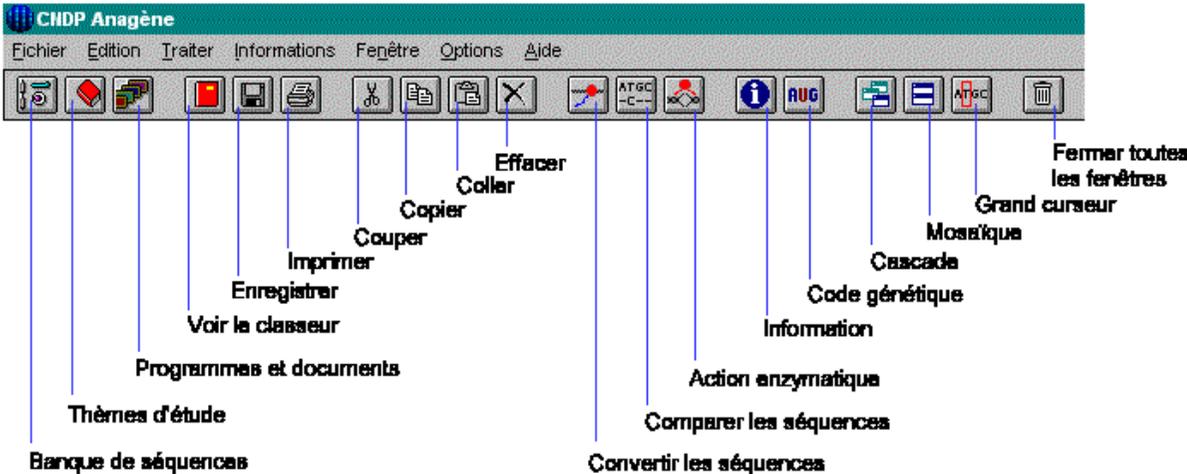
On cherche à comprendre l'origine de la diversité des êtres humains sur le plan des marqueurs immunologiques, c'est-à-dire à identifier les mécanismes génétiques à l'origine de cette diversité.

Matériel :

- ordinateur avec logiciel ANAGENE (icône disponible sur le bureau) et sa fiche technique,
- fichier de séquences des gènes HLA « hla.edi » disponible dans le répertoire « sauve » d'ANAGENE,
- fichier de séquences du gène HLA A de différents individus, disponible dans « Thèmes d'études », « Polymorphisme des gènes ».

| Activités et déroulement des activités | Capacités | Barème |
|---|---|--------|
| 1- Ouvrir avec le logiciel ANAGENE le fichier « hla.edi » à partir du répertoire « sauve » d'ANAGENE. Effectuer , à l'écran, une comparaison entre les 3 gènes, HLA A, HLA B et HLA C. Justifier le type de comparaison effectué. Appeler l'examineur pour vérification | Utiliser un logiciel de traitement de données Comprendre la manipulation | 3 1 |
| 2- Réaliser un tableau sur la fiche réponse-candidat donnant les différences entre ces gènes, exprimées en pourcentage. | Représenter des données sous forme d'un tableau | 4 |
| 3- En tenant compte des résultats obtenus, formuler une hypothèse sur l'origine possible de ces trois gènes. | Appliquer une démarche explicative | 2 |
| 4- Ouvrir avec le logiciel ANAGENE le fichier de séquences du gène HLA A (même gène HLA A séquencé chez différents individus) situé dans les « thèmes d'études », « polymorphisme des gènes » puis réaliser une comparaison simple, puis une comparaison avec alignement de ces séquences. Appeler l'examineur pour vérification | Utiliser un logiciel de traitement de données | 3 |
| 5- Choisir le mode de comparaison le plus approprié et construire , sur la fiche réponse-candidat, un tableau donnant les différences entre ces séquences, en pourcentage. | Présenter des données sous forme d'un tableau | 3 |
| 6- A partir de ces derniers résultats et en reprenant votre hypothèse (question 3), proposer une explication à la diversité du système HLA des êtres humains. | Appliquer une démarche explicative | 3 |
| 7- En fin d'épreuve, fermer le logiciel. | Gérer et organiser le poste de travail | 1 |

LE POLYMORPHISME DES ETRES HUMAINS

| 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 | |
| | | Bulles d'aide Pour vous aider, une bulle d'aide s'affiche sur l'objet pointé par le curseur de la souris | |
| Editer une séquence | | Sélectionner une séquence | |
| Sélectionner cette séquence dans l'un des répertoires d'Anagène : <ul style="list-style-type: none"> - Banque de séquences - Thèmes d'étude - Programmes et documents ou par Fichier/ Ouvrir/ sauve | |  | Cliquer sur le bouton de sélection . La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut sélectionner plusieurs séquences. La flèche rouge 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 comparer les séquences ou convertir ces séquences . 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 : | |
| 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 ». | | - une comparaison par alignement qui permet de comparer avec discontinuités, en éliminant les décalages résultant de délétion(s) ou d'insertion(s), - une comparaison simple , point par point des séquences sans aucun alignement. | |
| Créer des séquences Ouvrir le menu Fichier Sélectionner « créer » puis Choisir le type de séquence et lui donner un nom . Taper ou choisir dans la fenêtre d' édition de séquences , votre séquence. | | Attention : les valeurs affichées sont soit des ressemblances, soit des différences | |
| ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours celle qui est placée en premier. | | | |