

I. CONSTRUCTION D'ARBRES PHYLOGENETIQUE AVEC PHYLOGENE

Les icônes d'accès aux activités et aux utilitaires

The image shows a software toolbar with 14 icons. Below the icons, labels are connected by vertical lines to their corresponding functions. The labels are: Observer, Comparer, Construire, Polariser, Classifier, Grouper, Établir des parentés, étude moléculaire, Utilitaires, Copier, and Imprimer. A dropdown menu on the right shows 'Vertébrés-Lycée' and an 'OK' button. A green box highlights the 'Utilitaires' label, and a green arrow points from the 'OK' button to the dropdown menu.

Observer Comparer Construire Polariser Classifier Grouper Établir des parentés étude moléculaire Utilitaires Copier Imprimer

Vertébrés-Lycée OK

Accès au choix de la collection ... et éventuellement de la sous-collection

Sélectionner une collection

Vertébrés-Lycée



Unité du vivant Lycée



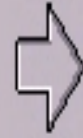
Végétaux seconde



Vertébrés actuels/fossiles



Vertébrés-Lycée



OK

Phylogène - Collection sélectionnée : Vertébrés-Lycée

Fichier Activités Rechercher Aide Configuration Thèmes

Vertébrés-Lycée OK

| | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-------------|---------------|-------------|------------|------------|---------------|-----------|---------------|----------------|--------|------------|-------------|--------------|-----------|-------------|---------------|-------------|
| Aigle | Amphioxus | Andreolepis | Anguille | Arandaspis | Archaeopteryx | Autruche | Babouin | Boa | Bonobo | Caméléon | Caudiptéryx | Chat sauvage | Cheval | Chimpanzé | Cladoseleache | Coelacanthe |
| Coelophysis | Compsognathus | Crapaud | Crocodile | Dauphin | Dermoptère | Dingo | Elefant | Eusthenopteron | Gibbon | Gorille | Grenouille | Homme | Hylonomus | Ichtyostega | Kangourou | Kiwi |
| Lamproie | Lézard | Manchot | Megaurodon | Mésange | Orang-Outan | Oreillard | Ornithorynque | Otarie | Pigeon | Placoderme | Plesiadapis | Protoptère | Pteraspis | Purgatorius | Raie | Requin |
| Rorqual | Saki | Salamandre | Sardine | Tarsier | Thon | Tiktaalik | Tortue | Toupaie | Triton | Vipère | | | | | | |

Construisez une matrice de caractères. Cliquez sur construire (quatrième bouton à droite représentant un tableau) et sélectionner les organismes choisis plus haut . On construit les lignes du tableau.

Puis choisir les caractères à comparer dans le menu déroulant :

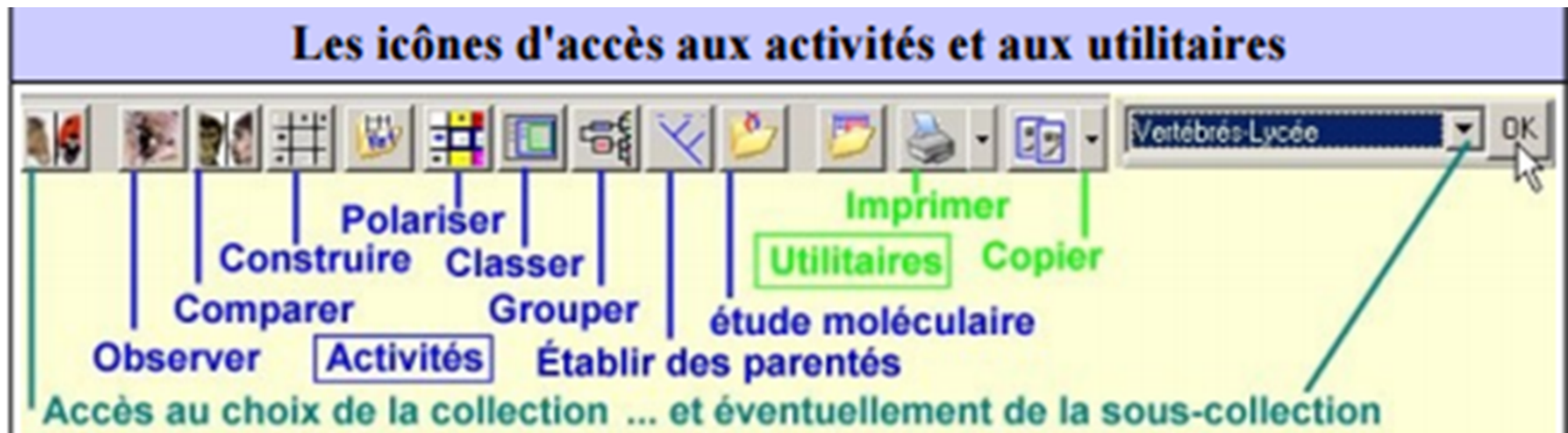
Ailes , allaitement , appendices pairs , fenêtres temporales, mâchoire inférieure , milieu de vie , placenta , plumes ,poils,

Pouce opposable , squelette . Cette liste est non exhaustive .

Un caractère peut être désélectionné en re cliquant dessus dans le menu déroulant .

Remplir ensuite le tableau en cliquant sur chacune des cases du tableau . un clic fait apparaître plusieurs propositions . Vous choisissez une de celles-ci en fonction des informations apparaissant dans le coin inférieur droit de l'écran .

Une fois le tableau rempli , sélectionner vérifier en dessous . Les erreurs apparaîtront en rouge et vous pourrez corriger le tableau.



Milieu de vie

Ongles plats

Ongles/griffes/sabots

Os marsupial

Phalanges spatulées

Pièces basales

Placenta

Plumes

Poils

Pouce opposable

Vérifier

effacer



Aigle



Amphioxus



Andreolepis



Anguille



13- Polariser et coder les caractères de la matrice . Cette étape est abordée en cliquant sur l'icône N° 6 (cf ci-dessus) et permet de faire une distinction entre les caractères primitifs et les caractères dérivés .

Fichier Activités Rechercher Aide Configuration Thèmes



| | Température | Allaitement | Amnios | Placenta | Choanes | Une fenêtre temporale | Pièces basales | Fenêtre mandibulaire | Ailes | Bréchet | Plumes | Gésier | Membrane nictitante | Deux fenêtres temporales | Poils | Acide ornithurique | Mâchoire inférieure | Vertèbres cervicales |
|---------------|-------------|-------------|---------|----------|-----------|-----------------------|----------------|----------------------|-----------|---------|-----------|---------|---------------------|--------------------------|----------|--------------------|---------------------|----------------------|
| Aigle | Endotherme | Non | Présent | Absent | Présentes | Non | Une seule | Présente | Présentes | Présent | Présentes | Présent | Présente | Oui | Absents | Oui | Plusieurs os | Plus de 3 |
| Archaeopteryx | Endotherme | ? | ? | ? | Présentes | Non | Une seule | Présente | Présentes | Absent | Présentes | ? | ? | Oui | Absents | ? | Plusieurs os | Plus de 3 |
| Chat sauvage | Endotherme | Oui | Présent | Présent | Présentes | Oui | Une seule | Absente | Absentes | Absent | Absentes | Absent | Absente | Non | Présents | Non | Un seul os | Plus de 3 |
| Crocodile | Ectotherme | Non | Présent | Absent | Présentes | Non | Une seule | Présente | Absentes | Absent | Absentes | Présent | Présente | Oui | Absents | Oui | Plusieurs os | Plus de 3 |
| Hylonomus | ? | ? | ? | ? | Présentes | Non | Une seule | Absente | Absentes | Absent | Absentes | ? | ? | Non | Absents | ? | Plusieurs os | Plus de 3 |
| Lézard | Ectotherme | Non | Présent | Absent | Présentes | Non | Une seule | Absente | Absentes | Absent | Absentes | Absent | Absente | Oui | Absents | Oui | Plusieurs os | Plus de 3 |
| Mésange | Endotherme | Non | Présent | Absent | Présentes | Non | Une seule | Présente | Présentes | Présent | Présentes | Présent | Présente | Oui | Absents | Oui | Plusieurs os | Plus de 3 |
| Oreillard | Endotherme | Oui | Présent | Présent | Présentes | Oui | Une seule | Absente | Présentes | Absent | Absentes | Absent | Absente | Non | Présents | Non | Un seul os | Plus de 3 |
| Pigeon | Endotherme | Non | Présent | Absent | Présentes | Non | Une seule | Présente | Présentes | Présent | Présentes | Présent | Présente | Oui | Absents | Oui | Plusieurs os | Plus de 3 |
| Salamandre | Ectotherme | Non | Absent | Absent | Présentes | Non | Une seule | Absente | Absentes | Absent | Absentes | Absent | Absente | Non | Absents | Non | Plusieurs os | Moins de 3 |
| Tortue | Ectotherme | Non | Présent | Absent | Présentes | Non | Une seule | Absente | Absentes | Absent | Absentes | Absent | Absente | Non | Absents | Oui | Plusieurs os | Plus de 3 |

Choisissez en dessous un extra-groupe : L'analyse extra-groupe consiste à trouver une espèce ou un groupe de référence dont on est sûr qu'il soit extérieur au groupe étudié , mais possède un ancêtre commun avec celui-ci . Cela permet de raciner l'arbre phylogénétique

Polariser et coder les états des caractères

Exemple de matrice codée

Après avoir construit et validé une matrice de caractères, cliquer sur l'icône Polariser.
Choisir un taxon extragroupe pour trouver les états primitifs.

| | Molaires | Vibrations perçues par l'oreille | Membre antérieur |
|-------------------|-------------------|----------------------------------|-------------------|
| Rorqual | Aucune (lanons) | Eau | Palette natatoire |
| <i>Aetiocetus</i> | Pointues | Eau | Palette natatoire |
| <i>Rodhocetus</i> | Pointues | Air et eau | Patte palmée |
| Hippopotame | Larges et aplatis | Air | Patte dressée |

Les fossiles sont en rouge, l'extragroupe en bleu

Colorer les états primitifs comme ceux de l'extragroupe, puis colorer les états dérivés. Faire vérifier à la fin. En cas de problème, utiliser le bouton Aide.
Les lignes et les colonnes peuvent être déplacées pour regrouper au maximum les états de même niveau.

| | Appendices pairs | Squelette | Fenêtres temporales | Mâchoire inférieure | Milieu de vie | Ailes | Plumes | Allaitement | Placenta | Poils | Pouce opposable |
|---------------|------------------|-----------|---------------------|---------------------|---------------|-----------|-----------|-------------|----------|----------|-----------------|
| Amphioxus | Absents | Absent | Aucune | Absente | Aquatique | Absentes | Absentes | Non | Absent | Absents | Non |
| Crocodile | Avec doigts | Osseux | Deux | Plusieurs os | Amphibie | Absentes | Absentes | Non | Absent | Absents | Non |
| Mésange | Avec doigts | Osseux | Deux | Plusieurs os | Aérien | Présentes | Présentes | Non | Absent | Absents | Non |
| Archaeopteryx | Avec doigts | Osseux | Deux | Plusieurs os | Aérien | Présentes | Présentes | ? | ? | Absents | Non |
| Chat sauvage | Avec doigts | Osseux | Une | Un seul os | Terrestre | Absentes | Absentes | Oui | Présent | Présents | Non |
| Homme | Avec doigts | Osseux | Une | Un seul os | Terrestre | Absentes | Absentes | Oui | Présent | Présents | Oui |

Déplacer les branches de l'arbre

Cliquer sur le menu **Établir des parentés** : un arbre brut apparaît. Se mettre en mode **édition**

Au départ, trois taxons sont activés : deux sont reliés et le troisième, à côté est prêt à être placé.



Cliquer sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris.

Sans lâcher ce bouton, déplacer la souris de façon à venir faire le branchement là où on le souhaite. Si le branchement est possible, une croix ou un doigt pointé apparaît.

Il est aussi possible de changer la disposition des branches sans modifier les relations de parentés



Annule la dernière opération.

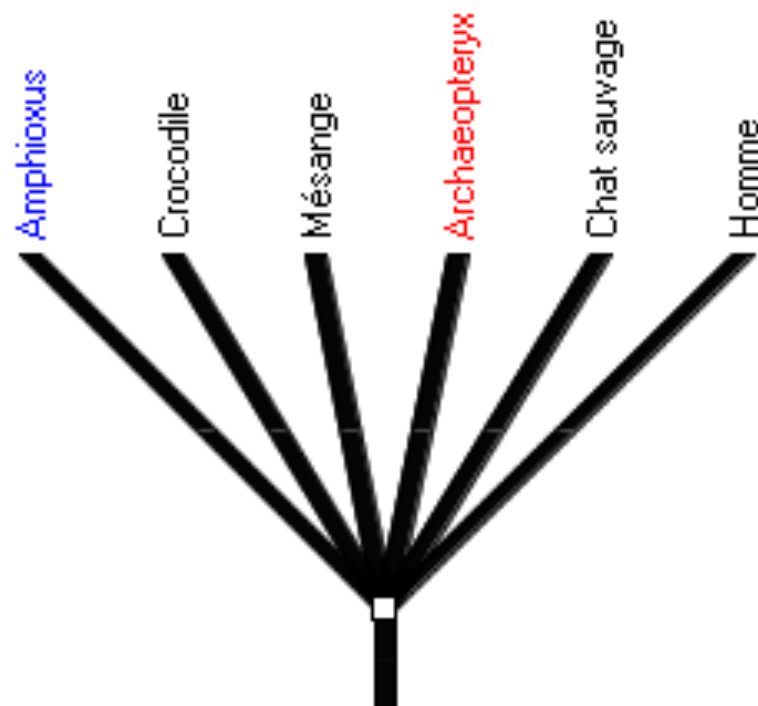


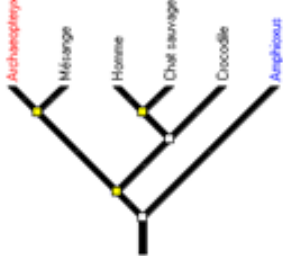
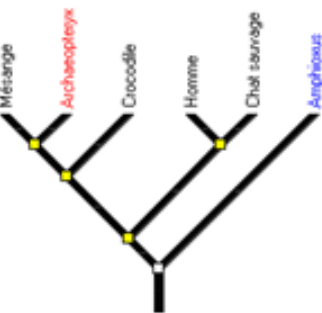
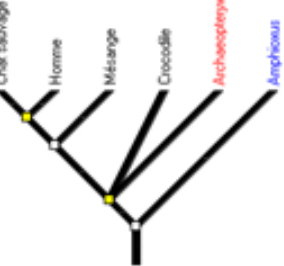

Permutation des branches autour d'un nœud. Cliquer sur cette icône puis se placer au niveau d'un nœud et cliquer à nouveau.



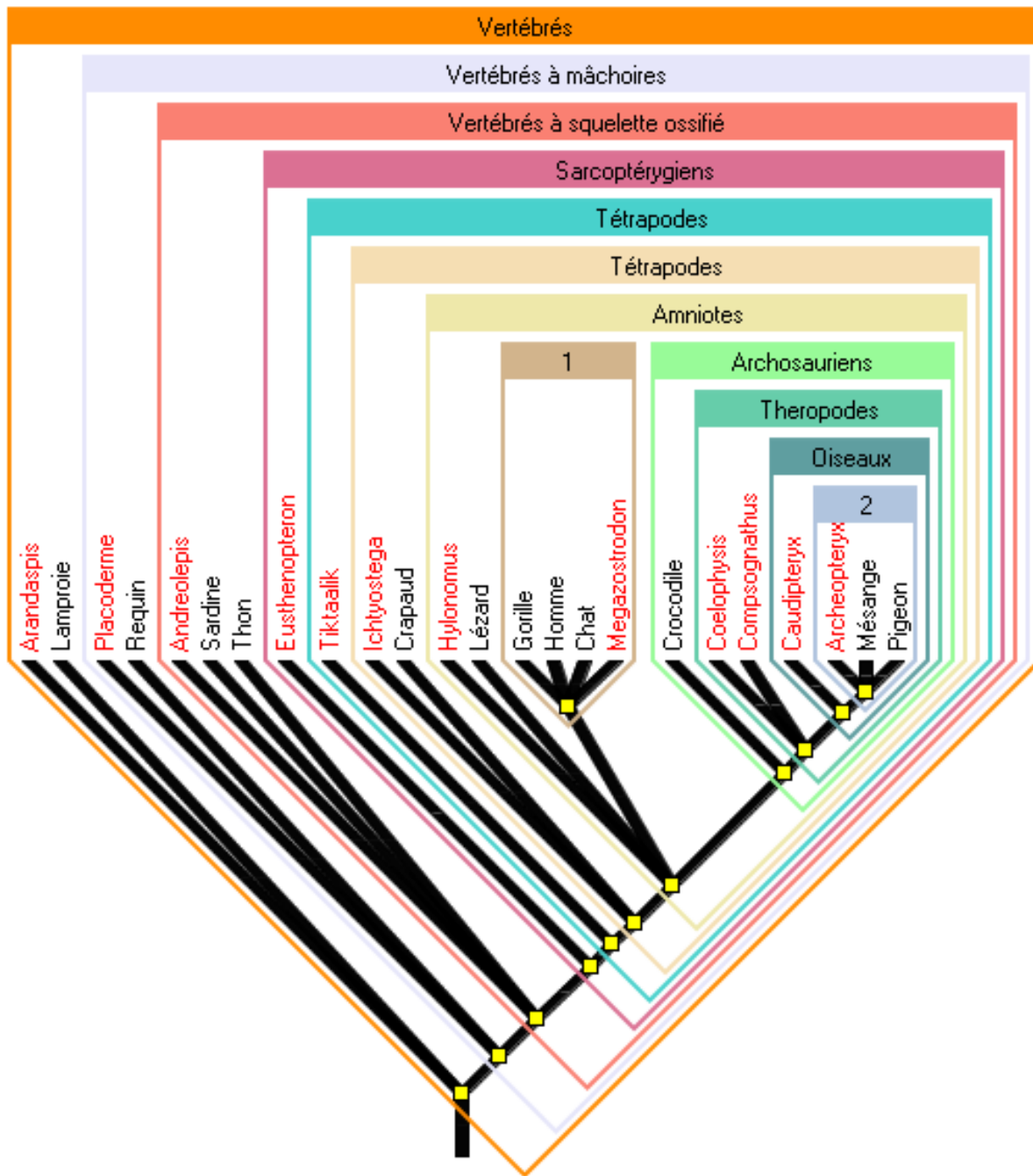
Relie toutes les branches à un même nœud.

Choix Donne accès à un menu qui permet de choisir le mode de représentation de l'arbre (avec ou sans les boîtes) et le mode de travail (édition ou exploration de l'arbre)



| | Cladogramme 1 | Cladogramme 2 | Cladogramme 3 | Cladogramme 4 |
|--|--|---|--|--|
| <p>Longueur de l'arbre à indiquer dessous.</p> |  <p>N= 15</p> |  <p>N= 16</p> |  <p>N= 20</p> |  <p>N= 25</p> |

| | Crâne et vertèbres | Mâchoires | Appendices pairs | Squelette osseux | Choanes | Articulation ceinture 1 seul os | Cou | Doigts | Plus de 3 vertèbres cervicales | Fenêtre mandibulaire | 3 doigts sur le sol | Plumes | Ailes | Mâchoire inférieure 1 seul os |
|----------------|--------------------|-----------|------------------|------------------|-----------|---------------------------------|---------|----------|--------------------------------|----------------------|---------------------|-----------|-----------|-------------------------------|
| Arandaspis | Présents | Absentes | Absents | Absent | Absentes | Absente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Lamproie | Présents | Absentes | Absents | Absent | Absentes | Absente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Placoderme | Présents | Présentes | Présents | Absent | Absentes | Absente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Requin | Présents | Présentes | Présents | Absent | Absentes | Absente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Andreolepis | Présents | Présentes | Présents | Présent | Absentes | Absente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Sardine | Présents | Présentes | Présents | Présent | Absentes | Absente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Thon | Présents | Présentes | Présents | Présent | Absentes | Absente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Eusthenopteron | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Absent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Tiktaalik | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Absents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Ichtyostega | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Crapaud | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Absent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Hylonomus | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Lézard | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Gorille | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Présente |
| Homme | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Présente |
| Chat | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Présente |
| Megazostrodon | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Absente | Absents | Absentes | Absentes | Présente |
| Crocodile | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Présente | Absents | Absentes | Absentes | Absente |
| Coelophysis | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Présente | Présents | Absentes | Absentes | Absente |
| Compsognathus | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Présente | Présents | Absentes | Absentes | Absente |
| Caudipteryx | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Présente | Présents | Présentes | Absentes | Absente |
| Archeopteryx | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Présente | Présents | Présentes | Présentes | Absente |
| Mésange | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Présente | Présents | Présentes | Présentes | Absente |
| Pigeon | Présents | Présentes | Présents | Présent | Présentes | Présente | Présent | Présents | Présent | Présente | Présents | Présentes | Présentes | Absente |



Crâne et vertèbres

Arandaspis -490 Ma
Lamproie

Mâchoires
Appendices paires

Placoderme -440 Ma
Requin

Squelette osseux

Andreolepis -420 Ma
Sardine
Thon

Choanes
Articulation ceinture 1 seul os

Eusthenopteron -385 Ma

Cou

Tiktaalik -375 Ma

Doigts

Ichthyostega -365 Ma
Crapaud

Plus de 3 vertèbres cervicales

Hylonomus -315 Ma
Lézard

Fenêtre mandibulaire

Mâchoire inférieure 1 seul os

Crocodile

3 doigts sur le sol

Coelophysis -230 Ma
Compsognathus -155 Ma

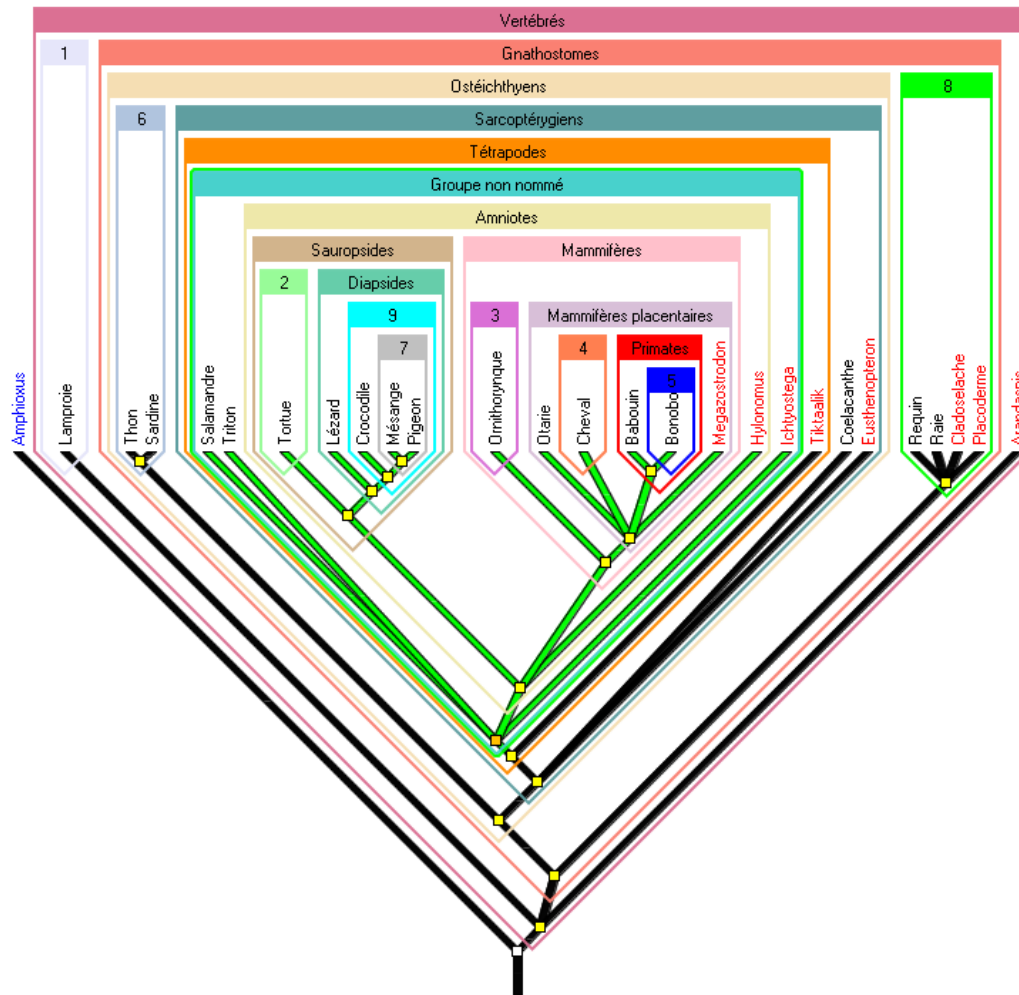
Plumes

Gorille
Homme
Chat
Megazostrodon -220 Ma

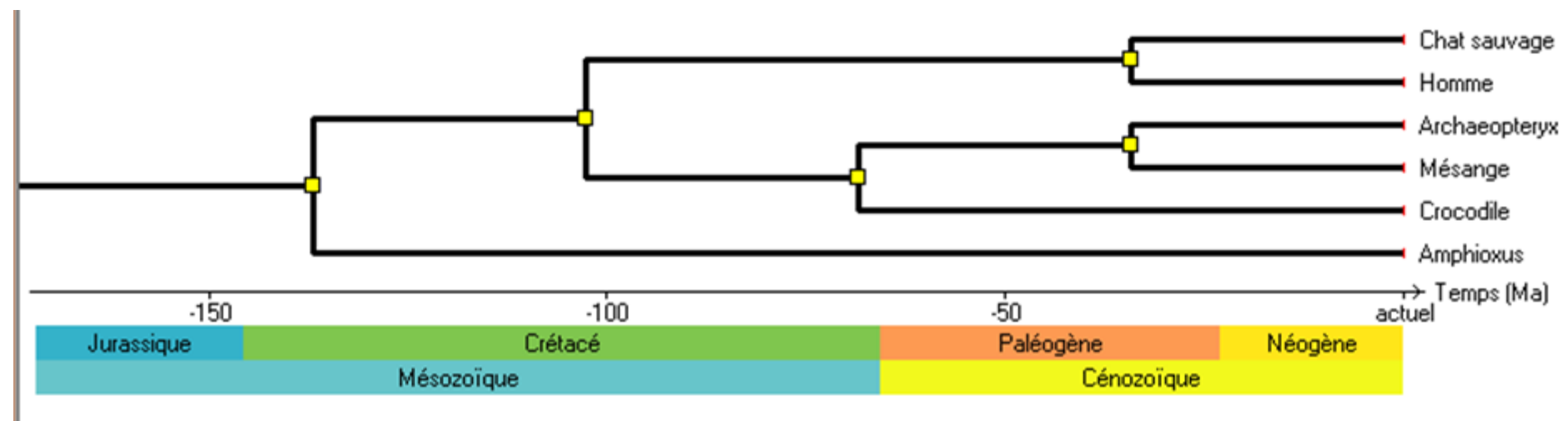
Caudipteryx -127 Ma

Ailes

Archeopteryx -165 Ma
Mésange
Pigeon



Bien qu'étant apparemment située "plus près" du thon que du Cheval dans l'arbre , la salamandre est plus apparentée au cheval car c'est avec lui qu'elle partage le plus d'innovations évolutives(deux innovations évolutives partagées : mâchoires et doigts; une seule partagée avec le thon : les mâchoires).



16- Construire un phénoqramme et la matrice de distances correspondantes en comparant les molécules d'hémoglobine de divers vertébrés .

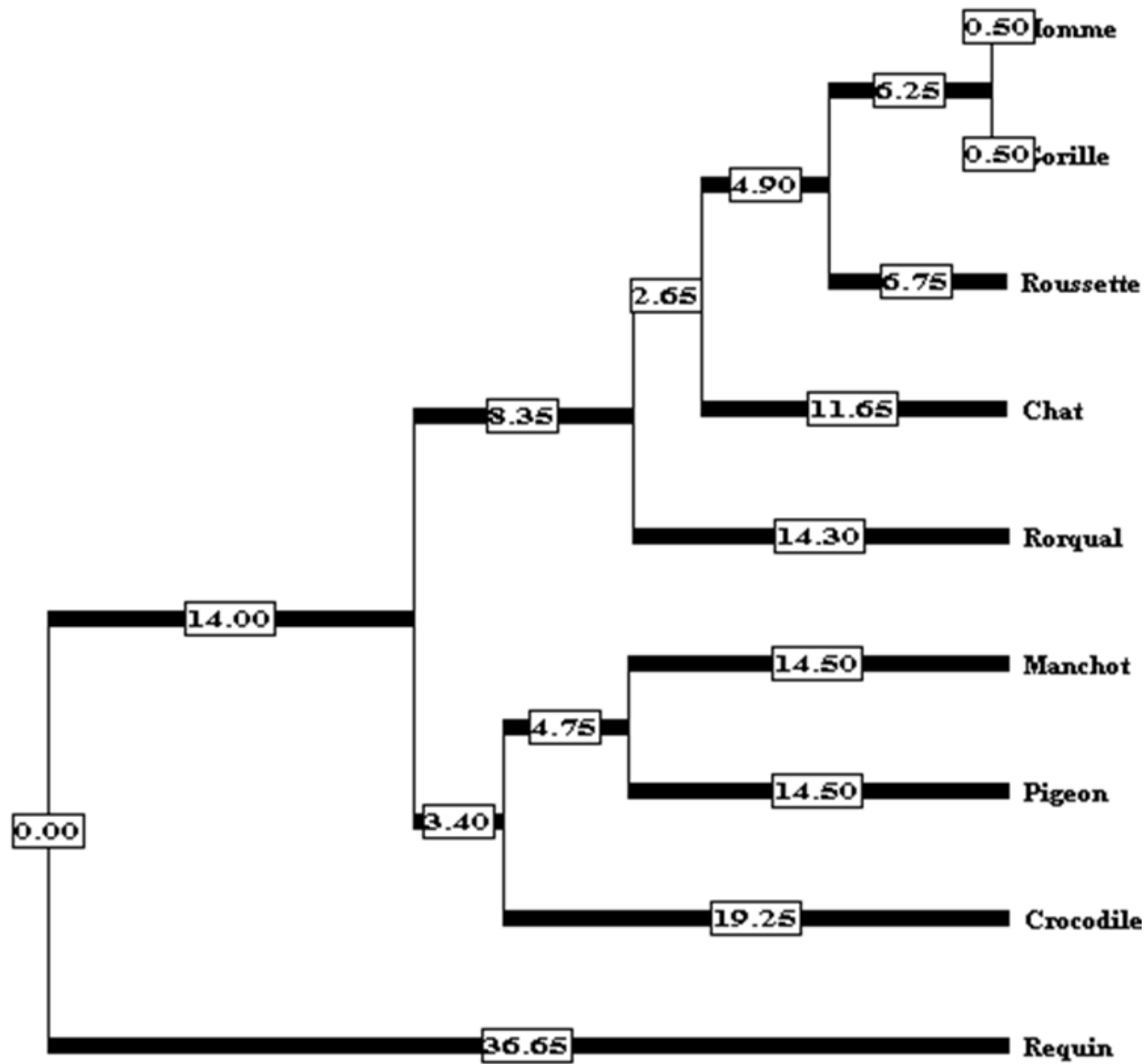
Cliquez sur l'icône 9 (étude moléculaire) et vous verrez apparaître un tableau de comparaison de séquences génétiques (alignées)

Dans fichiers, choisir la molécule à étudier : Hb A par exemple . Les séquences étant alignées , les bases occupant la même position apparaissent en rouge . Dans options , choisir arbre UPGMA . La méthode de l'UPGMA(unweighted pair group method using averages) permet de trouver un seul arbre à partir d'une matrice, par agglomération successive des espèces , des plus proches aux plus éloignées.

Pour construire un arbre sélectionner les espèces à gauche en cliquant dessus . Puis sélectionner matrice dans le tableau et la matrice des distances génétiques apparaît à gauche . Recopier la et essayer de construire le phénoqramme à partir de cette matrice des distances .

Vous pouvez construire ensuite l'arbre en sélectionnant « arbre » . La construction peut se faire étape par étape par ajout d'espèces après avoir réinitialiser les données (tout désélectionner) . On peut faire apparaître la distance génétique sur l'arbre en cliquant sur l'icône ci-contre indiqué par une flèche .





II. COMPARAISON DE SÉQUENCES AVEC ANAGENE.

















- A. Détermination du polymorphisme nucléotidique
- Après avoir ouvert le logiciel anagène 2, dans le menu fichier, thème d'étude, thèmes fournis 1997, polymorphisme des gènes, Polymorphisme de HLA A.
- Sélectionner les 10 séquences proposées (touche majuscule enfoncée et cliquer dans les carrés situés entre les deux flèches).
- Dans le menu traiter, comparer les séquences (F8), Alignement avec discontinuité puis OK.
- Un deuxième tableau s'affiche sous le précédent correspondant à 1098 nucléotides. La ligne supplémentaire nommée identité indique les sites mutés.
- Vous travaillerez sur les premiers 0,5 kb de cette séquence dont seul le brin codant est représenté.

Thèmes d'étude

Thèmes d'étude

OK

Annuler

-  Thèmes fournis - 2012
-   Thèmes fournis - 2006
-   Thèmes fournis - 1997
 -   EXPRESSION DE L'INFORMATION GÉNÉTIQUE
 -   RELATIONS GÉNOTYPE - PHÉNOTYPE
 -   POLYMORPHISME DES GÈNES
 -   FAMILLES MULTIGÉNIQUES
 -   GÉNOTYPES ET PRÉVISIONS EN GÉNÉTIQUE HUMAINE
-  Thèmes personnels

The screenshot shows a software interface for sequence alignment. At the top, there is a list of sequences with their IDs (hlaa0101 to hlaa2403) and a status '0'. Below the list, the first few lines of DNA sequences are visible, starting with 'ATGGCCGTCATGGCCGCCCGAACCCCTCGTCCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGGCGGGCTCCCACTCCATGAGGTATTTCTTCACATCCGTGTCCCGGCCGGCCCGGGGAGCCCCGCTTC'. A status bar at the bottom left indicates 'Sélection : 10/10 lignes'. A dialog box titled 'Options de comparaison' is open in the foreground, showing three comparison options: 'Comparaison simple', 'Alignement avec discontinuité', and 'Alignement par paires accéléré (attention : moins précis)'. The 'Alignement par paires accéléré' option is selected. There are also 'OK', 'Annuler', and 'Ignorer le décalage courant' (checked) buttons.

Remarque 1: Si vous faites comparaison simple, le logiciel vous propose de comparer la totalité de la séquence pour l'ensemble des molécules en indiquant soit le nombre, soit le pourcentage de différences.

Remarque 2: La comparaison simple est possible lorsque toutes les molécules comparées ont le même nombre de nucléotides. Dans ce cas, on considère qu'il n'y a eu ni délétion ni insertion et donc pas de décalage du cadre de lecture.

Remarque 3: L'alignement avec discontinuité est utilisé lorsque les molécules comparées n'ont pas la même longueur et qu'il faut aligner les séquences pour les comparer.

Affichage des séquences

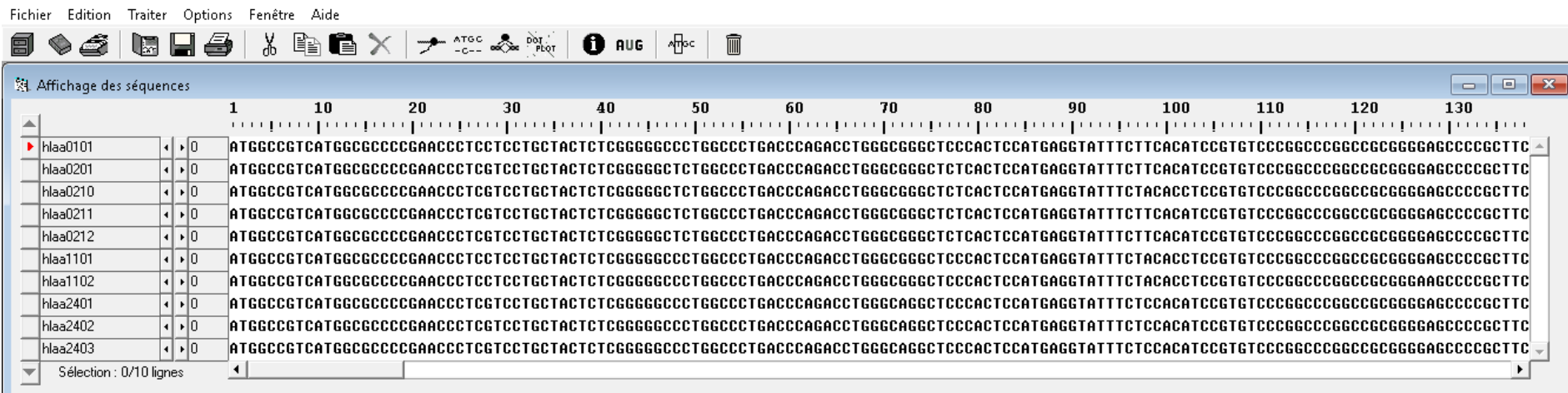
| | | 1 | 10 | 20 | 30 | 40 | 50 | 60 | 70 | 80 | 90 | 100 | 110 | 120 | 130 | 140 | 150 | 160 | 170 |
|----------|---|---|--|----|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| hlaa0101 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0201 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0210 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0211 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0212 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa1101 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa1102 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa2401 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa2402 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa2403 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |

Sélection : 0/10 lignes

Comparaison avec alignement

| | | 1 | 10 | 20 | 30 | 40 | 50 | 60 | 70 | 80 | 90 | 100 | 110 | 120 | 130 | 140 | 150 | 160 | 170 |
|------------|---|---|--|----|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Traitement | + | 0 | Alignement multiple de séquences d'ADN | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Identifs | + | 0 | ***** | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0101 | + | 0 | ATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCCTCCTCCTGCTACTCTCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGCGGGCTCCCACCTCCATGAGGTATTTCTTCCACATCCGTGTC | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0201 | + | 0 | -----G-----T-----T-----A-C-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0210 | + | 0 | -----G-----T-----T-----A-C-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0211 | + | 0 | -----G-----T-----T-----A-C-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa0212 | + | 0 | -----G-----T-----T-----A-C-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa1101 | + | 0 | -----A-C-----A-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa1102 | + | 0 | -----A-C-----A-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa2401 | + | 0 | -----G-----A-----C-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa2402 | + | 0 | -----G-----A-----C-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hlaa2403 | + | 0 | -----G-----A-----C-----A----- | | | | | | | | | | | | | | | | |

Sélection : 0/12 lignes



On s'intéresse au polymorphisme nucléotidique que l'on peut caractériser en déterminant la proportion de sites polymorphes (1) et la diversité nucléotidique (2).

(1) : Proportion de sites polymorphes : $P_n = n_p/n_t$ avec n_p = nombre de nucléotides mutés et n_t = nombre total de nucléotides de la séquence étudiée.

(2) : Diversité nucléotidique : p = probabilité qu'un site diffère entre deux séquences tirées au hasard: $(n_p/n_t) \times (n_{p_{seq}}/n_p)$ avec $n_{p_{seq}}$ = nombre de différences entre nucléotides.

1. Déterminez la proportion de sites polymorphes P_n sur la portion de séquence de 0,5 Kb. Remplissez le tableau ci-dessous puis calculez la diversité nucléotidique. Afin de gagner du temps, chaque table mutualisera les résultats en se répartissant la tâche entre ses occupants. Concluez

| Nombre de séquences | 0101 | 0201 | 0210 | 0211 | 0212 | 1101 | 1102 | 2401 | 2402 | 2403 |
|---------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 0101 | | | | | | | | | | |
| 0201 | | | | | | | | | | |
| 0210 | | | | | | | | | | |
| 0211 | | | | | | | | | | |
| 0212 | | | | | | | | | | |
| 1101 | | | | | | | | | | |
| 1102 | | | | | | | | | | |
| 2401 | | | | | | | | | | |
| 2402 | | | | | | | | | | |
| 2403 | | | | | | | | | | |

| Nombre de séquences | 0101 | 0201 | 0210 | 0211 | 0212 | 1101 | 1102 | 2401 | 2402 | 2403 |
|---------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 0101 | | | | | | | | | | |
| 0201 | 24 | | | | | | | | | |
| 0210 | 26 | 4 | | | | | | | | |
| 0211 | 24 | 6 | 6 | | | | | | | |
| 0212 | 24 | 0 | 4 | 2 | | | | | | |
| 1101 | 7 | 20 | 20 | 23 | 23 | | | | | |
| 1102 | 8 | 24 | 24 | 26 | 24 | 1 | | | | |
| 2401 | 25 | 21 | 21 | 23 | 23 | 26 | 27 | | | |
| 2402 | 25 | 18 | 23 | 23 | 21 | 26 | 27 | 0 | | |
| 2403 | 25 | 18 | 21 | 21 | 23 | 26 | 27 | 1 | 0 | |

| Nombre de séquences | 0101 | 0201 | 0210 | 0211 | 0212 | 1101 | 1102 | 2401 | 2402 | 2403 |
|---------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 0101 | | | | | | | | | | |
| 0201 | 24 | | | | | | | | | |
| 0210 | 26 | 4 | | | | | | | | |
| 0211 | 24 | 6 | 6 | | | | | | | |
| 0212 | 24 | 0 | 4 | 2 | | | | | | |
| 1101 | 7 | 20 | 20 | 23 | 23 | | | | | |
| 1102 | 8 | 24 | 24 | 26 | 24 | 1 | | | | |
| 2401 | 25 | 21 | 21 | 23 | 23 | 26 | 27 | | | |
| 2402 | 25 | 18 | 23 | 23 | 21 | 26 | 27 | 0 | | |
| 2403 | 25 | 18 | 21 | 21 | 23 | 26 | 27 | 1 | 0 | |

| | 0101 | 0201 | 0210 | 0211 | 0212 | 1101 | 1102 | 2401 | 2402 |
|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 101 | | | | | | | | | |
| 201 | 4,80% | | | | | | | | |
| 210 | 5,20% | 0,80% | | | | | | | |
| 211 | 4,80% | 1,20% | 1,20% | | | | | | |
| 212 | 4,80% | 0,00% | 0,80% | 0,40% | | | | | |
| 1101 | 1,40% | 4,00% | 4,00% | 4,60% | 4,60% | | | | |
| 1102 | 1,60% | 4,80% | 4,80% | 5,20% | 4,80% | 0,20% | | | |
| 2401 | 5,00% | 4,20% | 4,20% | 4,60% | 4,60% | 5,20% | 5,40% | | |
| 2402 | 5,00% | 3,60% | 4,60% | 4,60% | 4,20% | 5,20% | 5,40% | 0,00% | |
| 2403 | 5,00% | 3,60% | 4,20% | 4,20% | 4,60% | 5,20% | 5,40% | 0,20% | 0,00% |

1. Déterminez la proportion de sites polymorphes P_n sur la portion de séquence de 0,5 Kb.

$$PN = 39/500 = 0,078 \text{ soit } 7,8 \%$$

En considérant la moitié de la longueur de l'ADN, il y a environ 8% de sites polymorphes. Comme nous n'avons considéré que 50% du gène pour 10 individus, cela laisse supposer que ce gène codant pour les protéines HLA présente un polymorphisme important à l'échelle d'une population.

| Nombre de séquences | 0101 | 0201 | 0210 | 0211 | 0212 | 1101 | 1102 | 2401 | 2402 | 2403 |
|---------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 0101 | | | | | | | | | | |
| 0201 | 24 | | | | | | | | | |
| 0210 | 26 | 4 | | | | | | | | |
| 0211 | 24 | 6 | 6 | | | | | | | |
| 0212 | 24 | 0 | 4 | 2 | | | | | | |
| 1101 | 7 | 20 | 20 | 23 | 23 | | | | | |
| 1102 | 8 | 24 | 24 | 26 | 24 | 1 | | | | |
| 2401 | 25 | 21 | 21 | 23 | 23 | 26 | 27 | | | |
| 2402 | 25 | 18 | 23 | 23 | 21 | 26 | 27 | 0 | | |
| 2403 | 25 | 18 | 21 | 21 | 23 | 26 | 27 | 1 | 0 | |

| Nombre de séquences | 0101 | 0201 | 0210 | 0211 | 0212 | 1101 | 1102 | 2401 | 2402 | 2403 |
|---------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 0101 | | | | | | | | | | |
| 0201 | 24 | | | | | | | | | |
| 0210 | 26 | 4 | | | | | | | | |
| 0211 | 24 | 6 | 6 | | | | | | | |
| 0212 | 24 | 0 | 4 | 2 | | | | | | |
| 1101 | 7 | 20 | 20 | 23 | 23 | | | | | |
| 1102 | 8 | 24 | 24 | 26 | 24 | 1 | | | | |
| 2401 | 25 | 21 | 21 | 23 | 23 | 26 | 27 | | | |
| 2402 | 25 | 18 | 23 | 23 | 21 | 26 | 27 | 0 | | |
| 2403 | 25 | 18 | 21 | 21 | 23 | 26 | 27 | 1 | 0 | |

| | 0101 | 0201 | 0210 | 0211 | 0212 | 1101 | 1102 | 2401 | 2402 |
|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 101 | | | | | | | | | |
| 201 | 4,80% | | | | | | | | |
| 210 | 5,20% | 0,80% | | | | | | | |
| 211 | 4,80% | 1,20% | 1,20% | | | | | | |
| 212 | 4,80% | 0,00% | 0,80% | 0,40% | | | | | |
| 1101 | 1,40% | 4,00% | 4,00% | 4,60% | 4,60% | | | | |
| 1102 | 1,60% | 4,80% | 4,80% | 5,20% | 4,80% | 0,20% | | | |
| 2401 | 5,00% | 4,20% | 4,20% | 4,60% | 4,60% | 5,20% | 5,40% | | |
| 2402 | 5,00% | 3,60% | 4,60% | 4,60% | 4,20% | 5,20% | 5,40% | 0,00% | |
| 2403 | 5,00% | 3,60% | 4,20% | 4,20% | 4,60% | 5,20% | 5,40% | 0,20% | 0,00% |

En considérant les séquences deux à deux, on observe que la diversité nucléotidique n'est pas partagée de façon homogène. Elle varie de 0 à 5,4 %. Plus l'écart est faible, plus les systèmes HLA seront proches autorisant une compatibilité plus grande entre les individus porteurs de ces séquences. S'agissant de marqueurs impliqués dans l'immunité, le niveau d'histo-compatibilité entre individus doit être d'autant plus grand que l'écart est faible.