

Quelques indications pour l'utilisation du logiciel Caryotypes (version préliminaire)








Le logiciel, dans cette version, est destiné à combler des manques dans les possibilités offertes par Anagène. Cela explique son caractère un peu éclectique. Il permet un travail sur les chromosomes et les caryotypes en collège et en lycée.

Il permet de travailler :







- sur des représentations graphiques de la structure des chromosomes, et à cette occasion sur haploïdie-diploïdie, chromosomes à une ou 2 chromatides...
- sur des cartes génétiques des chromosomes, avec des outils de comparaison
- sur des cartes de répartition géographique d'espèces

Pour l'instant, le jeu de données est très réduit : données concernant le blé (blé tendre et blé dur) et données concernant l'Homme et le Chimpanzé.

Exploration du caryotype humain

- Une fois le logiciel lancé, ouvrir le fichier *Homme.XGnG*.
- Les schémas des chromosomes humains (1 de chaque type) s'affichent. Au départ, ils ne sont pas classés. On peut les classer en les déplaçant avec la souris (ou le doigt si l'écran est tactile) ou utiliser le classement automatique (). Si on dispose les chromosomes sur plusieurs lignes, on peut dépasser les limites de l'écran, la page s'agrandit alors en conséquence et on peut s'y déplacer en « déplaçant » le fond avec la souris.
- Le menu Affichage permet de choisir le nombre de chromatides. On peut obtenir le caryotype d'une femme () ou d'un homme () ou d'un individu au hasard ().
- Si on clique sur le bouton gamètes () alors que les chromosomes de l'espèce sont présentés (page 1), tous les types de gamètes possibles (2 ici) s'affichent chacun dans une nouvelle page. Si on part d'une femelle ou d'un mâle, les gamètes sont alors identifiés comme femelle ou mâle.
- Le menu () permet de fusionner le contenu de deux pages. Cela permet de simuler une fécondation. Les pages fusionnées ne sont pas supprimées, c'est une nouvelle page qui est créée. Le logiciel n'empêche pas les fusions qui n'ont pas de signification biologique mais le titre signale les bizarreries détectées (comme la fusion de 2 gamètes de même sexe ou la fusion de 2 caryotypes diploïdes...).
- On peut supprimer une page (). Attention, cette suppression est définitive.

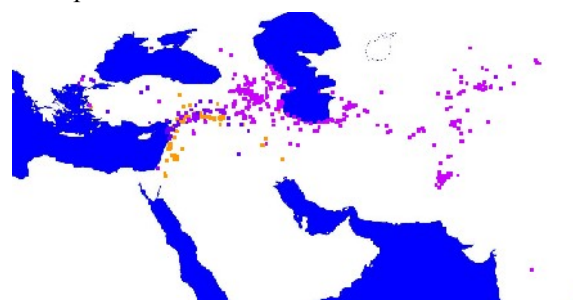
Comparaison du caryotype humain et de celui du Chimpanzé

- Une fois le logiciel lancé, ouvrir le fichier *Homme_et_Chimpanze.XGnG*.
- Deux pages s'ouvrent, une par espèce. Sur chaque page s'affichent les schémas des chromosomes de l'espèce (voir ci-dessus). On peut, comme précédemment choisir le nombre de chromatides, obtenir les caryotypes d'individus femelle () ou mâle () ou même des caryotypes de gamètes (), dans les mêmes conditions que celles décrites pour l'Homme, mais cela ne sera pas directement utile à la comparaison.
- Le menu () utilisé à partir de la présentation des chromosomes d'une espèce permet de fusionner le contenu des deux pages de présentation des chromosomes. On peut ainsi placer côte à côte les chromosomes des deux espèces pour les comparer. Pour travailler sur un nombre plus restreint de chromosomes on peut en déplacer vers la page de comparaison en les déplaçant avec la souris jusqu'au-dessus du bouton  . Les chromosomes ainsi placés ne sont pas retirés de leur page d'origine. Ils peuvent provenir de pages différentes.
- Pour supprimer un chromosome de la page de comparaison, le déplacer jusqu'au-dessus du bouton  .

Carte de répartition d'espèces

Les seules données disponibles, compatibles avec le logiciel, sont celles de répartition d'individus des genres *Triticum* et *Aegilops*.

- Une fois le logiciel lancé, ouvrir le fichier *LocGeo_Triticum_Aegilops.XGnG*
- Toutes les données s'affichent sur une carte. La légende peut se déplacer si on le souhaite.
- Pour se restreindre aux espèces sauvages considérées comme les ancêtres du blé :
 - Dé-sélectionner toutes les espèces (dans le menu Affichage) puis
 - Sélectionner *T. urartu*, *A. speltoides* et *A. tauschii*.
- La carte s'étend jusqu'aux USA (sans doute des individus issus de jardins botaniques) pour la restreindre, utiliser le menu Affichage/Choix généraux puis indiquer les limites







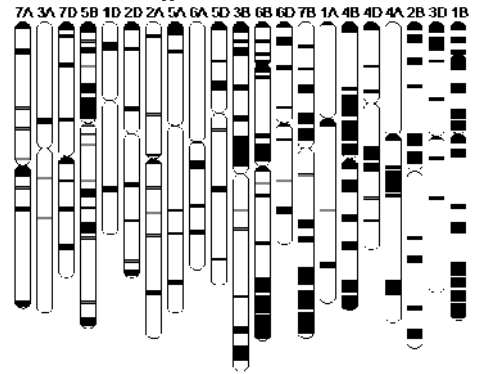
géographiques voulues.



Le croissant fertile est bien visible. Il correspond aussi à la zone de steppes de la carte de végétation mondiale.

Caryotype et carte chromosomique du blé :










Ouvrir le fichier *Caryo_BleComplet.XGnG*. La page de présentation des chromosomes s'affiche.

- *Affichage des schémas (affichage par défaut)* : On y observe un chromosome de chaque type, dans sa représentation la plus simple (1 chromatide). On peut déplacer les chromosomes avec la souris et les classer (ou obtenir un classement automatique ). On peut remarquer que les chromosomes de même numéro mais de séries différentes ne se ressemblent pas. Comme pour l'Homme et le Chimpanzé, le menu *Affichage* permet de choisir le nombre de chromatides. On peut obtenir le caryotype d'un individu () ou celui d'un gamète (). On peut supprimer une page ().



- *Affichage des Cartes chromosomiques (menu Affichage/Cartes)* : On y observe des cartes de la disposition des gènes (ou des marqueurs) sur les chromosomes. Par défaut, le premier chromosome sert de référence, il est coloré avec des couleurs « arc en ciel » (la couleur change à chaque locus). Si un gène analogue est trouvé sur un autre chromosome, la zone qui suit ce gène est colorée comme sur le chromosome de référence. Cela permet de constater la parenté entre les chromosomes 1. Le menu *Affichage* permet de changer de chromosome de référence et ainsi de montrer la parenté des chromosomes 2, etc. Le menu *Affichage* permet aussi d'avoir le détail des cartes avec les noms des gènes. La molette de la souris permet une exploration verticale de la page.
- On peut aussi obtenir un affichage de type *DotPlot* à l'aide du menu *Outils*. On choisit alors les chromosomes à comparer.
- Il est possible aussi de ne comparer qu'un nombre restreint de chromosomes. Pour cela, il faut partir de l'affichage des schémas et faire glisser successivement 2 chromosomes (ou plus sur le panneau ). Une nouvelle feuille est créée ou on peut modifier la représentation des chromosomes choisis pour les comparer. Si on veut retirer un chromosome de cette page, il faut le faire glisser sur l'icône « poubelle » .

Récapitulatif de la fonction des différents boutons :

	Permet de placer des chromosomes dans une page de comparaison. Pour centrer l'étude sur ces chromosomes. Un clic sur ce bouton affiche la fenêtre de comparaison.		Dessin : Non encore implanté
	Permet de supprimer une page (cliquer sur le bouton) ou un chromosome d'une page de comparaison ou de dessin (déposer le chromosome dans la corbeille).		Pour classer les chromosomes.
	Pour fusionner le contenu de deux pages. Simulation d'une fécondation ou rassemblement des types de chromosomes pour les comparer.		Pour obtenir le caryotype d'une femelle.
	Pour obtenir le caryotype d'un mâle.		Pour obtenir les caryotypes des gamètes possibles. (un caryotype par page).
	Pour obtenir le caryotype d'un individu	L'image de chaque page peut être copiée (menu <i>Edition/Copier</i>) enregistrée (fichier image) menu <i>Fichier/Enregistrer l'image...</i>) ou imprimée (menu <i>Fichier/Imprimer</i>).	