

ANAGENE

Le logiciel anagène permet d'afficher des séquences nucléotidiques d'ADN. Il lit les fichiers qui ont pour extension .edi. Il permet de comparer des séquences nucléotidiques.

Objectif : Organiser son travail avec le logiciel anagène

Pour travailler en autonomie, suivre les conseils :

1^{ère} étape : savoir comparer avec anagène des séquences de nucléotides

1) Après avoir ouvert le fichier .edi, vous obtenez à l'écran :

Les 5 séquences nucléotidiques qui s'affichent correspondent à 5 allèles d'un même gène. Ces allèles sont nommés 1219.adn, 1267.adn etc. (les mettre dans l'ordre indiqué ci-dessous à l'aide de l'ascenseur vertical)

2) Sélectionner à l'aide de la souris la première séquence puis cliquer sur l'icône « i ». Une nouvelle fenêtre s'affiche :

Nom de l'allèle (1219.adn pour commencer)
 Nature de la séquence (type de molécule)
 Nombre de bases = **nombre de nucléotides**
 % des différents nucléotides

En sélectionnant successivement les séquences, vous obtiendrez le nombre de nucléotides de chaque allèle.

3) Sur votre cahier, construire un tableau indiquant pour chaque allèle le nombre de nucléotides :

| N°allèle | Nombre de nucléotides |
|----------|-----------------------|
| 1219.adn | 1125 |
| | |
| | |
| | |
| | |

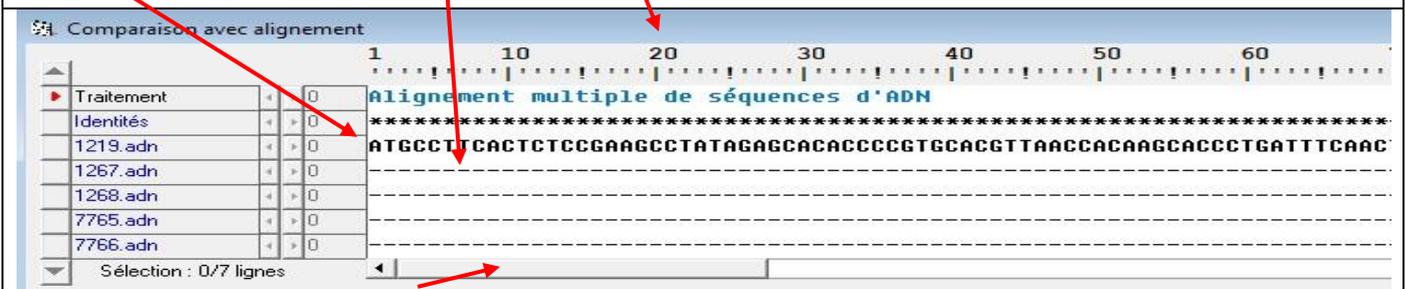
⇒ Notez vos observations et vos déductions sur votre cahier.

4) Sélectionner les 5 séquences car on souhaite maintenant savoir si ces séquences de nucléotides sont identiques. Sélectionner ensuite dans la barre des menus « Traiter », une nouvelle fenêtre s'affiche :

Sélectionner alors « Comparer les séquences »
 Puis « Alignement avec discontinuité » puis OK

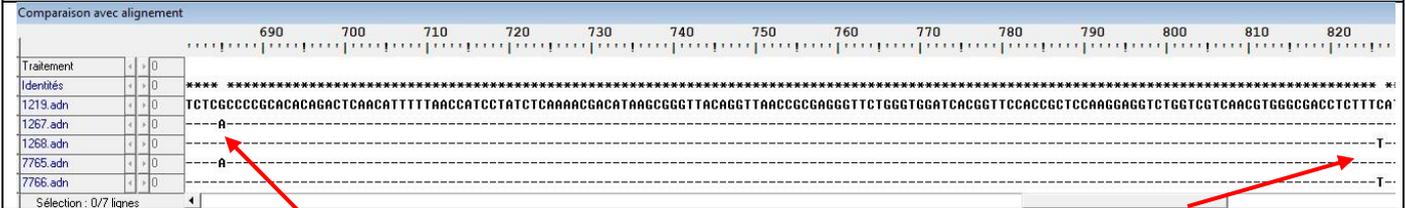
Après quelques secondes, une nouvelle fenêtre s'affiche :

La 1^{ère} séquence sert de référence ; les traits indiquent que les séquences suivantes sont identiques à la séquence de référence ; les numéros indiquent la place du nucléotide dans la séquence



Déplacer l'ascenseur horizontal vers la droite à l'aide de la souris

En déplaçant l'ascenseur, vous obtenez par exemple :



Ces modifications de la séquences nucléotidique d'un gène sont appelées mutations génétiques : ces mutations sont donc à l'origine des allèles d'un gène

5) Construire alors un tableau de comparaison à compléter des différents allèles du gène étudié :

| Type de mutation et emplacement | Par rapport à l'allèle de référence 1219.adn |
|---------------------------------|---|
| Allèle 1267.adn | Un nucléotide à adénine remplace un nucléotide à guanine n°685 |
| Allèle 1268.adn | Un nucléotide à thymine remplace un nucléotide à adénine n°267, |
| Allèle 7765.adn | Un nucléotide à |
| Allèle 7766.adn | Un nucléotide à |

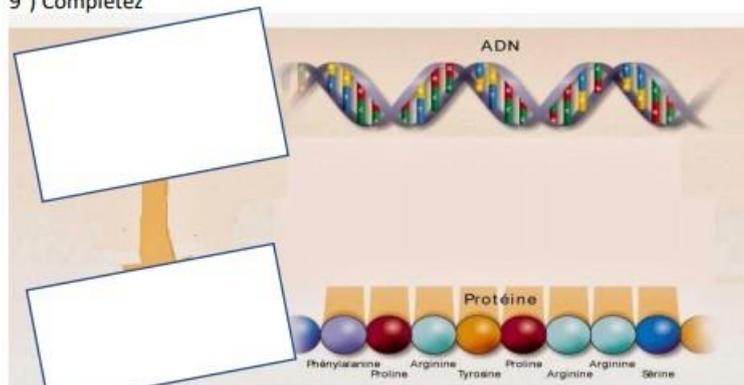
Sur votre cahier, expliquez alors en quoi cet exemple montre qu'il existe une biodiversité génétique chez le chêne.

Poursuivre votre travail avec anagène : pour cela relire la fiche que vous avez complétée à propos de la relation gène – protéine.

7°) Une protéine est composée d'une succession de petites molécules appelées

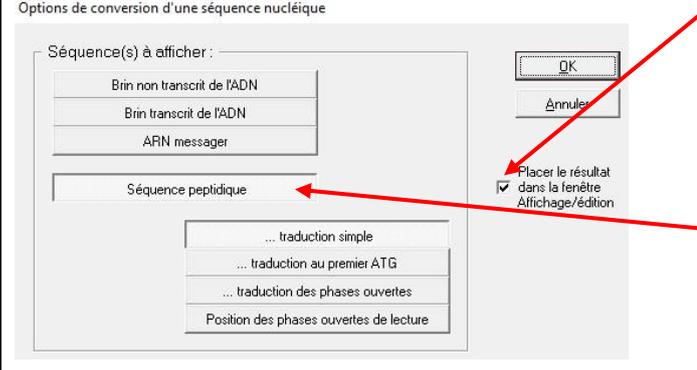
8°) Les scientifiques ont déterminé comment le langage ADN est traduit en

9°) Complétez



2^{ème} étape : traduire les séquences nucléotidiques en séquences d'acides aminés à l'aide d'Anagène (niveau difficile)

6) Sélectionner à nouveau les 5 séquences nucléotidiques, puis dans la barre des menus, sélectionner « Traiter » puis « Convertir les séquences ». Vous obtenez à l'écran :

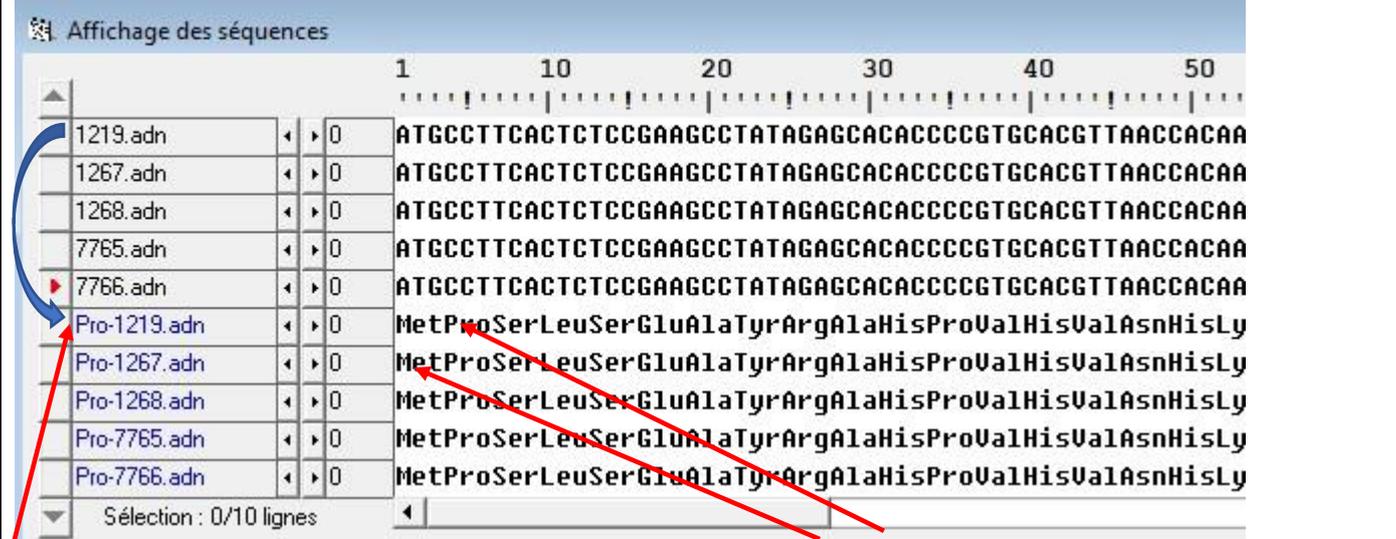


Cocher cette case (elle permet d'afficher les 5 séquences en acides aminés (donc 5 protéines))

Puis sélectionner « Séquence peptidique » puis « OK »

Le logiciel va alors traduire la séquence de nucléotides en séquences en acides aminés

Vous obtenez alors :



| | 1 | 10 | 20 | 30 | 40 | 50 |
|--------------|---|----|----|----|----|----|
| 1219.adn | ATGCCTTCACTCTCCGAAGCCTATAGAGCACACCCCGTGCACGTTAACCACAA | | | | | |
| 1267.adn | ATGCCTTCACTCTCCGAAGCCTATAGAGCACACCCCGTGCACGTTAACCACAA | | | | | |
| 1268.adn | ATGCCTTCACTCTCCGAAGCCTATAGAGCACACCCCGTGCACGTTAACCACAA | | | | | |
| 7765.adn | ATGCCTTCACTCTCCGAAGCCTATAGAGCACACCCCGTGCACGTTAACCACAA | | | | | |
| 7766.adn | ATGCCTTCACTCTCCGAAGCCTATAGAGCACACCCCGTGCACGTTAACCACAA | | | | | |
| Pro-1219.adn | MetProSerLeuSerGluAlaTyrArgAlaHisProValHisValAsnHisLy | | | | | |
| Pro-1267.adn | MetProSerLeuSerGluAlaTyrArgAlaHisProValHisValAsnHisLy | | | | | |
| Pro-1268.adn | MetProSerLeuSerGluAlaTyrArgAlaHisProValHisValAsnHisLy | | | | | |
| Pro-7765.adn | MetProSerLeuSerGluAlaTyrArgAlaHisProValHisValAsnHisLy | | | | | |
| Pro-7766.adn | MetProSerLeuSerGluAlaTyrArgAlaHisProValHisValAsnHisLy | | | | | |

Sélection : 0/10 lignes

Pro-1219 correspond à la traduction de l'allèle 1219.adn Met, Pro, Ser etc : abréviations des acides aminés

Votre hypothèse de travail est : les mutations génétiques du gène entraînent des modifications de la séquence en acides aminés des protéines correspondantes.

Vous devez vérifier cette hypothèse en utilisant les fonctionnalités d'Anagène.

Vous allez maintenant réinvestir ce que vous avez appris sur les fonctionnalités du logiciel pour :

- Comparer les 5 séquences d'acides aminés
- Indiquer si vous observez effectivement des modifications en donnant deux exemples
- L'hypothèse est-elle validée dans cette étude ?
- En sachant que la fonctionnalité d'une protéine dépend de sa séquence en acides aminés, que peut-on émettre comme nouvelle hypothèse sur la synthèse de la gibbérelline ? (il faut relire l'intitulé de la fiche Séance 2 !!!)