

TP5

l'ADN, une molécule codée et variable

Rappel : Chez toutes les espèces, chaque chaîne de la molécule d'ADN est constituée d'un enchaînement de nucléotides. (A,T,G et C)



La baleine bleue



l'escargot petit gris

Tous les êtres vivants possèdent des caractères très différents les uns des autres. Il existe de très nombreux gènes différents à l'origine de ces caractères.



Pour un même caractère, il peut exister de très nombreuses versions différentes : ce sont les allèles. Ex : Pour le gène couleur des cheveux, il y a les allèles couleur brune, couleur blonde, couleur roux...

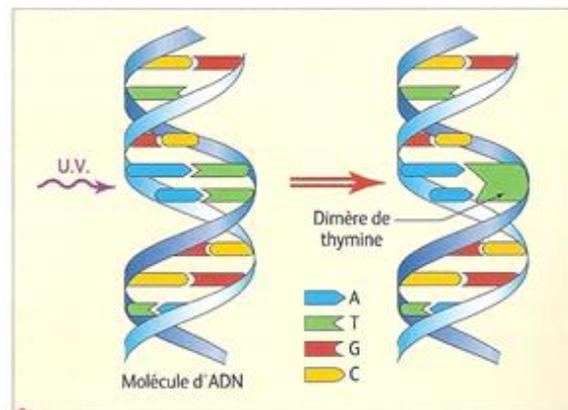
Problème : Comment la diversité des caractères des organismes se traduit-elle au niveau de leur ADN ?

Matériel mis à disposition :

- le logiciel anagène (logiciel svt seconde)
- la fiche technique de anagène
- les documents 1 et 2

Consignes	Capacités
<p>1-En utilisant la fiche technique du logiciel anagène (voir rubrique « ouvrir une séquence » de la fiche technique), afficher les séquences d'ADN des 3 gènes différents.</p> <p>Réaliser une capture d'écran pour l'insérer dans le compte rendu. (touche capture écran sur le clavier à côté de F12, ouvrir la capture d'écran sous le logiciel paint, sélectionner la zone à conserver, copier, coller sur le compte rendu)</p> <p><u>Donner une définition aussi précise que possible d'un gène.</u></p> <div data-bbox="193 611 882 904" data-label="Image"> </div>	<p>Utiliser les fonctionnalités d'un logiciel en utilisant une fiche technique</p> <p>Rédiger une définition en faisant le lien entre plusieurs informations</p> <p>Utiliser les fonctionnalités d'un logiciel en utilisant une fiche technique</p>
<p>2-En utilisant la fiche technique du logiciel anagène, afficher les séquences d'ADN des 3 allèles A,B et O du gène groupe sanguin. Comparer par alignement ces 3 allèles en prenant l'allèle A en référence (voir fiche technique). Réaliser une capture d'écran pour l'insérer dans le compte rendu.</p> <p><u>Préciser les différences entre ces 3 allèles.</u></p>	<p>Comparer des informations</p>
<p>3- L'hémoglobine, protéine des globules rouges permet le transport du dioxygène. Des personnes peuvent être atteintes d'une maladie génétique, la drépanocytose (l'hémoglobine produite est à l'origine de la maladie). Pour le gène codant l'hémoglobine, on peut observer 2 versions, la version normale et une version anormale (gène ayant subi une mutation à l'origine de la maladie génétique).</p> <p>En utilisant le logiciel Anagène, Ouvrir les fichiers betacod, tha1cod (banque de séquence puis chaîne de l'hémoglobine puis séquence Béta et séquences normales betacod et mutées thalassémie tha1cod).</p> <p>Utiliser la séquence betacod.adn comme séquence référence, comparer par alignement ces 2 allèles.</p> <p>Réaliser une capture d'écran pour l'insérer dans le compte rendu.</p> <p><u>Donner une définition précise de mutation et les conséquences.</u></p> <p>D'après le document « mutation naturelle et mutations induites »ci-dessous,</p> <p><u>Citer les origines possibles des mutations.</u></p>	<p>Utiliser les fonctionnalités d'un logiciel en utilisant une fiche technique</p> <p>Rédiger une définition en faisant le lien entre différentes informations</p> <p>Retrouver une information dans un document</p>

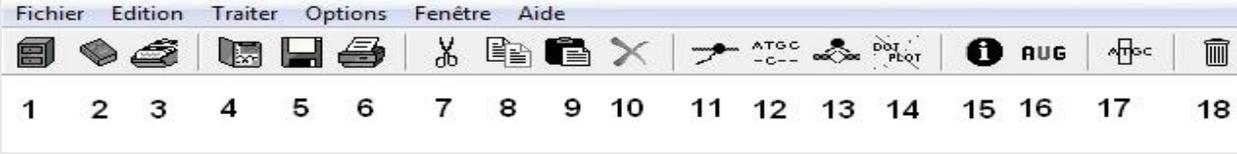
- ▶ L'apparition de mutations est liée à la modification de la séquence des nucléotides. Ces mutations peuvent être spontanées, c'est-à-dire se produire naturellement dans la cellule, car l'ADN est une molécule relativement fragile, et elle peut subir des dommages au cours de sa vie cellulaire.
- ▶ Pour autant, un certain nombre de facteurs physiques ou chimiques peuvent eux aussi provoquer des modifications de la séquence de l'ADN, et être à l'origine de mutations.
- ▶ Parmi les facteurs physiques : les rayons ultraviolets et les radiations nucléaires sont très nocives pour l'ADN, parmi les facteurs chimiques on peut citer le bisphénol A, le benzène. Ces molécules sont donc des mutagènes.

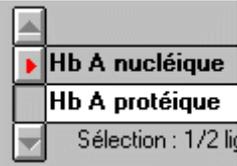


Conséquence des rayons ultraviolets sur l'ADN.

Document mutation naturelle et mutation induite

COMPARAISON AVEC ANAGENE Version 2

 <p style="text-align: center;">barre d'outils</p>				Les icô nes de la	Numérotation des éléments d'une séquence	
1. Banque de séquences 2. Thèmes d'étude 3. Programmes et documents 4. Voir le classeur 5. Enregistrer 6. Imprimer 7. Couper	8. Copier 9. Coller 10. Effacer 11. Convertir les séquences pointée 12. Comparer les séquences 13. Action enzymatique	14. Graphique de ressemblance 15. Information sur ligne 16. Code génétique 17. Grand curseur 18. Fermer toutes les fenêtres			Echelle de repérage des nucléotides	
				Echelle de repérage des acides aminés Attention au décalage des numéros		
			Cliquer sur l'échelle pour passer de l'échelle des nucléotides à celle des acides aminés.			
			Utiliser le curseur			
Identification des mutations			Surligner pour sélectionner la partie de la séquence choisie. Cliquer sur l'icône « grand curseur ».			
Lors d'une comparaison :						
<ul style="list-style-type: none"> - un tiret haut « - » indique une ressemblance - un tiret bas « _ » indique une absence du nucléotide 						
			Bulles d'aide			
			Une bulle d'aide s'affiche sur l'objet pointé par le curseur de la souris			

Ouvrir une séquence	Sélectionner une séquence
<p>Sélectionner cette séquence dans l'un des répertoires d'Anagène :</p> <p><u>Question 1 : dans banque de séquence :</u> Chaîne de l'hémoglobine : alpha.adn Gène des pigments rétiniens : la rhodopsine rhonorm.doc Le système ABO des groupes sanguins : acod.adn</p> <p><u>Question 2 : dans banque de séquence :</u></p> <p><u>Le système ABO des groupes sanguins</u></p> <p>Groupe sanguin A : acod.adn Groupe sanguin B : bcod.adn Groupe sanguin O : ocod.adn</p>	<div data-bbox="1003 277 1240 443" style="border: 1px solid gray; padding: 2px;">  </div> <p>Cliquer sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut sélectionner plusieurs séquences.</p> <p>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.</p>
Comparer des séquences	
<p>ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours celle qui est placée en premier.</p> <p>Menu «traiter / comparer les séquences» ou «convertir ces séquences».</p> <p>Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.</p> <p>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.</p> <p>Deux comparaisons possibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> • <u>La comparaison par alignement</u> permet de comparer avec discontinuité, en éliminant les décalages résultant de délétion(s) ou d'insertion(s), les valeurs affichées sont des ressemblances (identités), • <u>La comparaison simple</u> permet de comparer point par point des séquences sans aucun alignement, les valeurs affichées sont des différences. 	