

TP.7 – Le message génétique

2. Un langage codé responsable de la diversité génétique

La nature du vivant

Seront évaluées les capacités à utiliser un logiciel de traitement des données génétiques (Anagene) et à tirer des informations d'un vidéogramme.

A. Un gène code pour une molécule.

Introduction. Vidéo Universcience : *Qu'est-ce qu'un gène ?*

1. Comparaison de deux gènes qui codent pour des molécules différentes

Nous allons comparer deux gènes de taille voisine codant pour des molécules dont les fonctions sont totalement différentes.

- L'un est le gène qui code pour la phénylalanine hydroxylase *phenorm.cod* (situé dans la « Banque de séquences » Phénylalanine hydroxylase).
- L'autre est un gène qui code pour une molécule membranaire HLA qui marque notre identité.

Protocole.

- Ouvrir le logiciel *Anagene* (se reporter à la fiche technique pour la suite des manipulations).
- Ouvrir *Banque de séquences* et choisir dans *Phénylalanine hydroxylase* : *phenorm.cod* (c'est la molécule d'ADN) et *phenorm.pro* (c'est la molécule polypeptidique synthétisée).
- Réouvrir *Banque de séquences* et choisir dans *Système HLA A* : *hlaa201.cod* (c'est la molécule d'ADN) et *hlaa201.pro* (c'est la molécule polypeptidique synthétisée).
- Regrouper les 2 lignes adn (.cod)
- Noter la longueur de chacun des gènes en nucléotides. →
- Choisir *phenorm.cod* comme séquence de référence. Effectuer une comparaison des ADN qui synthétisent la phénylalanine hydroxylase et la molécule HLA A. Pour cela choisir *Traiter - Comparer - Alignement avec discontinuité*. Sélectionner les séquences traitées et demander Infos.

<i>phenorm.cod</i>	<i>hlaa201.cod</i>

▶▶ *Noter le % d'identité. Comment expliquer ce taux d'identité alors que les deux gènes codent pour des molécules totalement différentes ?*

.....

.....

.....

- Réaliser la même comparaison avec les chaînes polypeptidiques synthétisées : *phenorm.pro* et *hlaa201.pro*.

▶▶ *Noter le % d'identité. Comment expliquer ce taux d'identité faible ?*

.....

.....

.....

2. Le séquençage du génome du Panda géant en Chine

Document vidéo tiré des archives de la Cité des Sciences de la Villette (disponible auprès de votre professeur).

▶▶ *Qu'est-ce que le génome ?*

.....

.....

.....

▶▶ *Comment pratique-t-on le séquençage ?*

.....

.....

.....

.....
.....
.....
▶▶ *Quel est l'intérêt de connaître le génome du panda géant ?*

.....
.....
.....
B. Des phénotypes différents observés chez les drosophiles

À disposition des plaques de drosophiles observées à la loupe à main.

Définition. Le phénotype est l'ensemble des caractères d'un individu.

▶▶ *Par quels caractères apparents différent les drosophiles étudiées ?*

.....
.....
.....
▶▶ *De quoi résulte le phénotype de l'individu ?*

.....
.....
.....
▶▶ *Comment expliquer les variations du phénotype de la couleur du corps chez ces drosophiles ?*

.....
.....
.....
C. Un gène peut présenter plusieurs formes alléliques normales : les groupes sanguins ABO.

Protocole.

- Dans Anagene, *Banque de séquences* et *Système ABO des groupes sanguins*, sélectionner les 3 fichiers .adn correspondant aux groupes A, B et O les afficher en cliquant sur OK.
- Faire défiler les séquences et les comparer.
- Sélectionner les 3 séquences qui apparaissent alors en blanc. Prendre soin de placer la séquence correspondant au groupe A en premier (elle servira de référence).
- Traiter les 3 séquences avec la fonction *Comparer les séquences* et *Comparaison simple*.

▶▶ *Noter sur le tableau de la page 3 les différences qui existent entre l'allèle qui gouverne le groupe A, celui qui gouverne le groupe B et celui qui gouverne le groupe O : nucléotides remplacés et positions, type de mutation.*

▶▶ *Rechercher une explication pour l'allèle O. Compléter la ligne du tableau pour l'allèle du groupe O.*

- Pour cela réaliser une nouvelle comparaison des séquences A et O, en utilisant « Alignement avec discontinuité ». Noter l'information recueillie. Retourner à la fenêtre « Affichage des séquences » et afficher les séquences à la position repérée. Utiliser le grand curseur de sélection pour repérer l'endroit.
- Pour terminer, effectuer une conversion des séquences nucléotidiques en séquences peptiques par traduction simple afin de comparer la nature des molécules codées par les allèles A, B et O du gène.

