

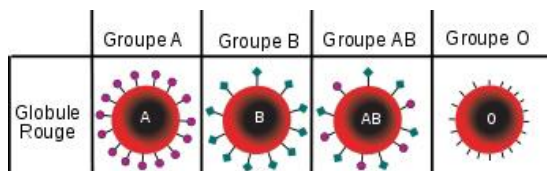
L'ADN, une molécule variable

I- Exemple des groupes sanguins

L'appartenance d'un individu à l'un ou l'autre des groupes sanguins (A, B, AB ou O) est commandée par un gène situé sur la paire de chromosome n°9. Ce gène peut exister sous différentes versions, appelées **allèles**. Ce gène commande la fabrication de **molécules** se trouvant à la **surface des globules rouges**.

C'est la présence de l'une ou l'autre de ces molécules à la surface des globules rouges d'un individu qui détermine son appartenance à l'un des groupes.

- 1^{ère} version du gène du groupe sanguin : allèle A. Il commande la fabrication de la molécule A.
- 2^{ème} version du gène du groupe sanguin : allèle B. Il commande la fabrication de la molécule B.
- 3^{ème} version du gène du groupe sanguin : allèle O. Il ne commande la fabrication d'aucune molécule.



Pour comprendre comment l'ADN code différentes molécules à partir d'un même gène, nous allons comparer les séquences de nucléotides de l'un des brins d'ADN d'une partie de ce gène.

Utilisation du logiciel Anagène

1- Afficher les allèles du gène des groupes sanguins

Faire Fichier → banque de séquences → Le système ABO des groupes sanguins → sélectionner acod.adn, puis faire OK. Faire la même manipulation pour ouvrir les deux autres allèles : bcod.adn et ocod.adn (ouvrir les deux séquences dans l'ordre).

Question 1 : Un seul brin d'ADN est indiqué. Pourquoi n'est-il pas indispensable d'indiquer les deux ?

2- Compter les bases

Question 2 : Combien de bases sont présentes dans chaque séquence ?

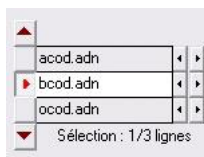
Astuces : Agir sur la barre de défilement horizontale et consulter l'échelle graduée.



Cliquer dessus pour changer de règle (base ou acide aminé)

3- Comparer les séquences

- Sélectionner les séquences : ceci se fait grâce au bouton de sélection qui affiche une flèche rouge. Cliquer dessus, lorsque le nom de la séquence s'affiche en blanc, c'est que celle-ci est sélectionnée.



- Comparer les séquences : Faire traiter → comparer les séquences → Comparaison simple → OK

Remarque :

- la première séquence sert de référence.
- les – indiquent des bases identiques.
- Dans les séquences comparées : la seconde et la troisième), la présence de lettres indique des nucléotides différents de la première séquence (référence).

Question 3 : Comparer les séquences a avec b et a avec o.

Question 4 : A partir d'un enchaînement de seulement quatre lettres (A, T, C, et G), comment **expliquer** que l'ADN puisse coder pour autant de protéine différentes ?

4- Comparaison des séquences en les superposant

Comparer les séquences en superposant le maximum de points communs : Faire traiter → Comparer les séquences → Alignement avec discontinuité → OK

- Remarque :**
- sur la ligne supérieure :
 - ***** symbole des identités (nucléotides identiques).
 - les espaces marquent les différences de nucléotides.
 - La première séquence sert de référence.
 - Au niveau des autres séquences :
 - symbole des identités.
 - _ symbole des manques (= absence).

Question 5 : Comparer la séquence a avec la séquence o ?

Question 6 : Vous avez comparé précédemment a avec b et a avec o. **Expliquer** comment o est apparu.

II- Les conséquences d'un changement dans l'ordre des nucléotides : exemple de la drépanocytose

Une maladie, la drépanocytose, se manifeste par une faiblesse générale, des vertiges et de l'essoufflement. Les personnes atteintes présentent une hémoglobine différente de celle des personnes saines (hémoglobine : protéine contenue dans les hématies, capable de fixer le dioxygène). Cette hémoglobine différente donne aux hématies une forme caractéristique. De plus, ces hématies circulent moins facilement et sont plus fragiles que les hématies normales.

Question 1 : **Indiquer** de façon succincte les symptômes de la maladie ? **Expliquer** ces symptômes.

1- Etude au microscope

Observation de deux frottis : dans l'ordre :
 un frotti normal
 un frotti drépanocytaire

Question 2 : Suite à l'observation microscopique de deux frottis sanguins (un normal et un drépanocytaire), **expliquer** pourquoi les hématies drépanocytaires circulent moins facilement et sont plus fragiles que les normaux ?

Utilisation du logiciel Anagène

2- Comparer les séquences de nucléotidiques

- Faire Fichier → banque de séquences → Les chaînes de l'hémoglobine → Bêta → Séquences normales → sélectionner betacod.adn, puis faire OK.
- Faire Fichier → banque de séquences → Les chaînes de l'hémoglobine → Bêta → Séquences mutées → Drépanocytose → sélectionner drepcod.adn, puis faire OK.

Question 3 : **Comparer** la séquence des bases pour les deux allèles de l'hémoglobine.

3- Comparer les séquences d'acides aminés

Remarque : l'ADN code pour la synthèse des protéines qui sont constituées d'acides aminés. Il existe vingt acides aminés différents qui sont représentés par des abréviations de trois lettres : exemples : Met = Méthionine ; Val = Valine ; Leu = Leucine...

- Fermer les deux fenêtres précédentes.
- Sélectionner les séquences protéiques :**
- Faire Fichier → banque de séquences → Les chaînes de l'hémoglobine → Bêta → Séquences normales → sélectionner beta.pro, puis faire OK.
- Faire Fichier → banque de séquences → Les chaînes de l'hémoglobine → Bêta → Séquences mutées → Drépanocytose → sélectionner drep.pro, puis faire OK.

Question 4 : **Comparer** la séquence d'acides aminés pour les deux allèles de l'hémoglobine.

Question 5 : Quelle est la conséquence de la modification de l'ADN sur la fabrication de la protéine ?

Question 6 : **Décrire** cette maladie aux différents niveaux d'organisations proposés par le tableau (tableau que vous reproduirez sur votre copie).

Organisme	
Cellule	
molécule (protéine)	
molécule (ADN)	