

**Activité  
N°4**

**CODAGE ET VARIATION DE L'INFORMATION  
GENETIQUE**

Nous avons pu constater que la molécule d'ADN est constituée de millions de nucléotides, ces derniers étant aussi un assemblage de molécules.

Le gène est une portion de cette molécule, contenant les instructions nécessaires à la synthèse d'une protéine, responsable d'un caractère.

**Problème : Comment expliquer que l'ADN puisse stocker l'information génétique ?**

**Proposer une ou des hypothèse(s) expliquant l'origine de l'information contenue dans la molécule d'ADN.**

**Proposer alors une hypothèse pour expliquer l'origine de la maladie de Manon**

**Comment peut-on vérifier vos hypothèses ?**


**1. Le codage de l'information génétique.**

L'exploitation du logiciel ANAGENE va vous permettre de comparer différents gènes.

- Cliquez sur Fichier.
- Entrez dans la boîte de dialogue « Banques de séquence ».
- Sélectionner « première S,ES,L » puis cliquer sur « Génotype, phénotype et environnement » puis « phénotypes et génotypes à différents niveaux d'organisation » puis « phénotypes drépanocytaires »
- Sélectionnez « AllelebetaA », et « AllelebetaS ».

**Expliquez pourquoi un seul des deux brins de la portion d'ADN (correspondant à un allèle) suffit pour connaître l'ensemble du gène.**

Comparaison des séquences :

1. Sélectionner les 2 séquences : cliquer sur les petits carrés gris à gauche des séquences.
2. Cliquer sur l'icône ATGC « comparer les séquences » 
3. Choisir « Alignement avec discontinuités » puis cliquer sur OK
4. Observer l'ensemble de la comparaison en cliquant sur la flèche à droite en bas de la comparaison
5. Trouver la signification des traits au niveau de la séquence

6. Trouver la signification des nombres indiqués au-dessus des séquences.

**Résultats :**

Comparaison d'un des gènes de l'hémoglobine de Manon (sujet malade) avec celui d'un sujet sain :

	Longueur de la séquence	Nature du changement	Position du changement
Gène de Manon			
Gène d'un individu sain			

**Bilan : Réponse à la Mission posée dans l'activité 3**

## 2. Origine de la diversité des caractères observés dans une espèce.

Chez l'Homme, les groupes sanguins A, B, AB ou O sont déterminés par un gène, localisé sur la paire de chromosome n°9.

Ce gène existe sous plusieurs versions : les allèles. Ainsi, il existe 3 allèles pour le gène du groupe sanguin : l'allèle A, l'allèle B et l'allèle O.

Les allèles A et B codent pour, respectivement, des marqueurs A et B, l'allèle O ne code pour aucun marqueur.

Ces marqueurs protéiques se retrouvent à la surface du globule rouge.

L'exploitation du logiciel ANAGENE va vous permettre de comparer les différents allèles de ce gène.

- Cliquez sur Fichier.
- Entrez dans la boîte de dialogue « Thème d'études ».
- Sélectionnez « Relations génotype-phénotype » puis « Phénotype groupes sanguins ABO ».
- Cliquez sur OK.

Vous obtenez un brin de chacun des allèles du gène étudié.

- Comparez les séquences des allèles A et B en les sélectionnant (**cliquez** sur les petits carrés gris à gauche des séquences) puis **cliquez** sur l'icône ATGC « comparez les séquences ».
- Choisissez « Alignement avec discontinuités », puis **cliquez** sur OK.
- Observez l'ensemble de la comparaison en cliquant sur la flèche à droite en bas de la comparaison.
- Trouvez la signification des traits et des bases azotées indiqués au niveau de la séquence B.
- Trouvez la signification des nombres indiqués au dessus des séquences.

Complétez alors le tableau suivant :

Gène	Longueur de l'allèle	Nature du changement	Position du changement
Allèle A			
Allèle B			
Allèle O			

En vous aidant de l'ensemble de vos observations, expliquez l'origine de la variabilité observée entre les allèles A et B ainsi que celle observée entre A et O.

Pourquoi peut-on penser que ces allèles ont une origine commune ?