



CHAPITRE 2 : L'ADN : SUPPORT DE L'INFORMATION GÉNÉTIQUE

RAPPEL : INFORMATION GÉNÉTIQUE ET CHROMOSOME

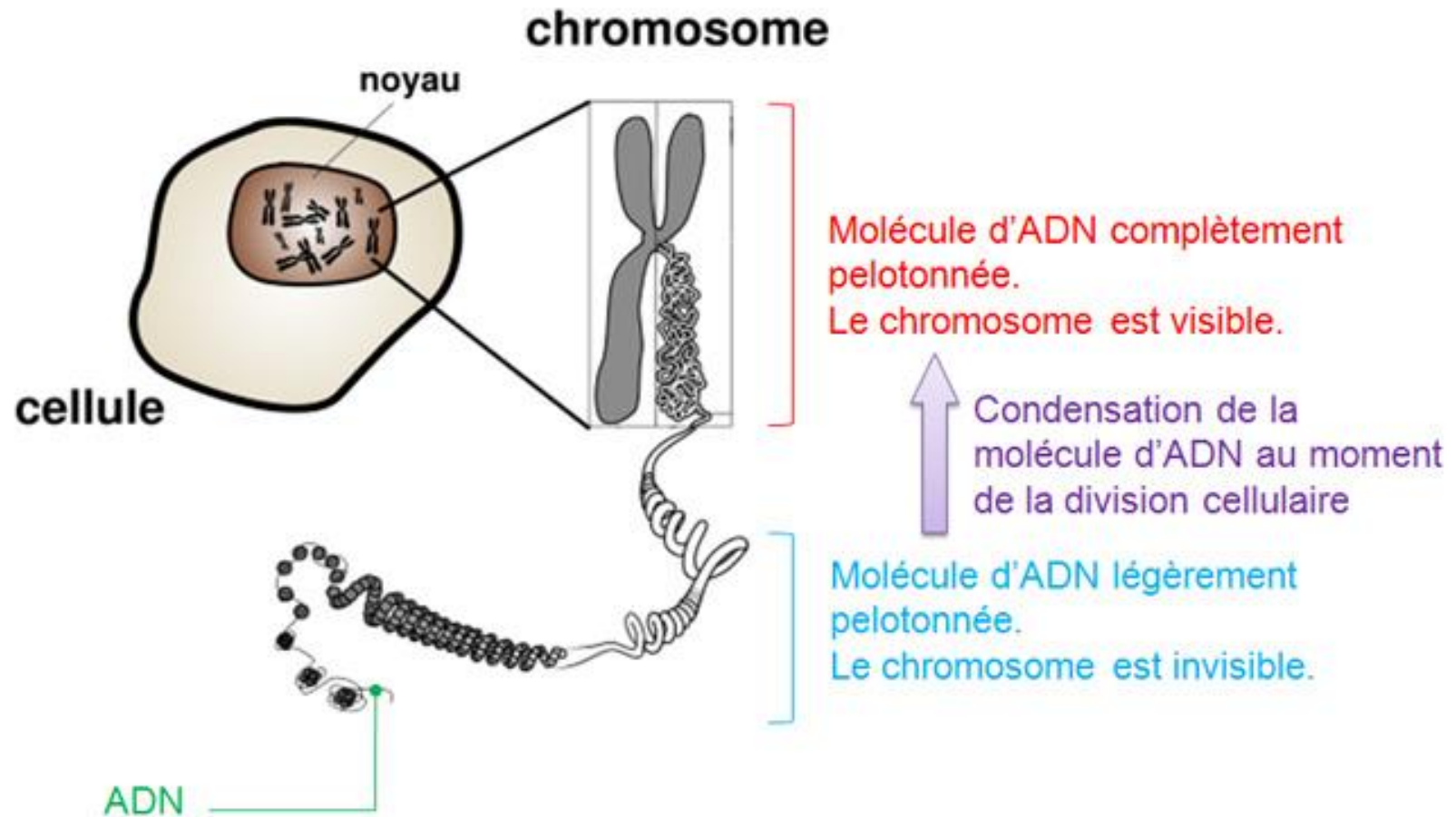
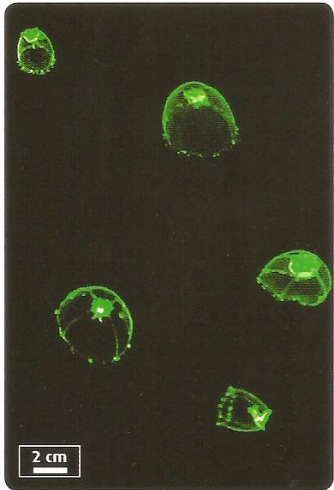


Schéma montrant la localisation et la constitution des chromosomes

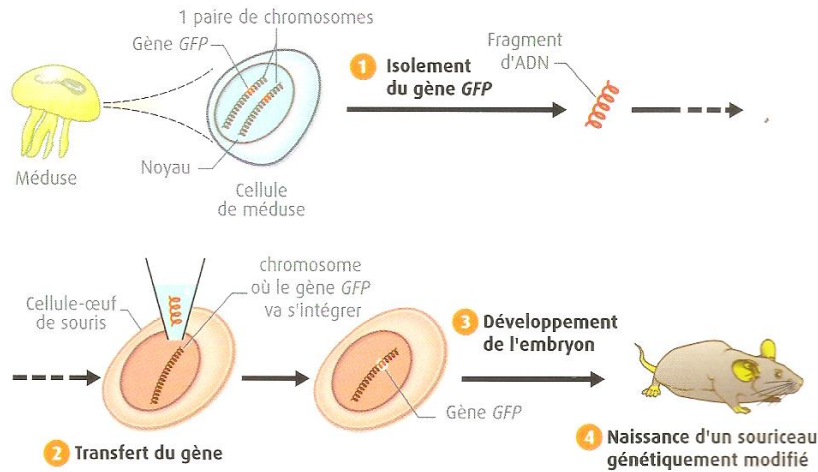


TRANSGÉNÈSE



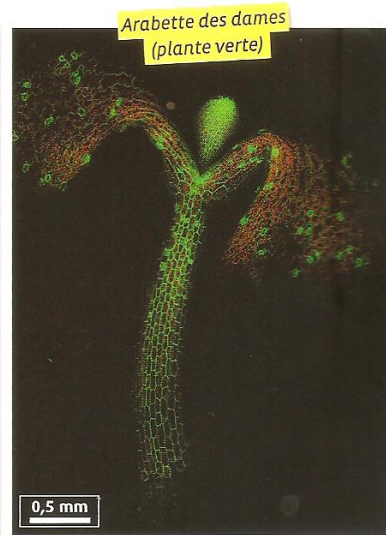
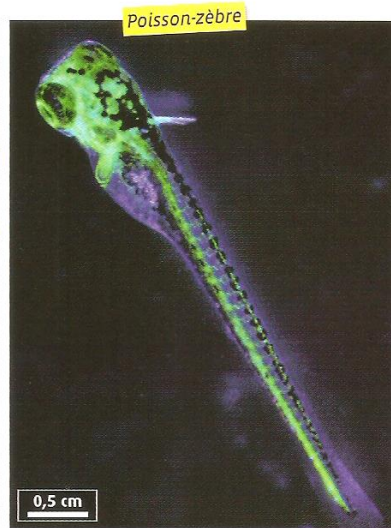
1 Des méduses *Aequorea victoria*.

Elles émettent spontanément une fluorescence de couleur verte.



2 Une expérience de transgénèse.

La transgénèse est une technique qui permet de transférer, au laboratoire, un fragment d'ADN d'un organisme à un autre. Ici, le fragment d'ADN transféré est le gène déterminant le caractère héréditaire « fluorescence de couleur verte » (gène *GFP*) chez la méduse *Aequorea victoria*. L'organisme obtenu est dit génétiquement modifié: c'est un OGM.



3 Des organismes transgéniques obtenus par transfert artificiel du gène de méduse déterminant le caractère « fluorescence verte » (gène *GFP*). Ils sont utilisés dans de nombreux domaines de la recherche scientifique et médicale.

La **transgénèse** est le transfert d'une portion d'une molécule d'ADN d'une espèce (appelée espèce donneuse) dans l'ADN d'une autre espèce (appelée espèce receveuse), celle-ci acquiert un nouveau gène, son **patrimoine génétique** est ainsi **modifié**.

L'organisme obtenu présente des **changements de caractères**.

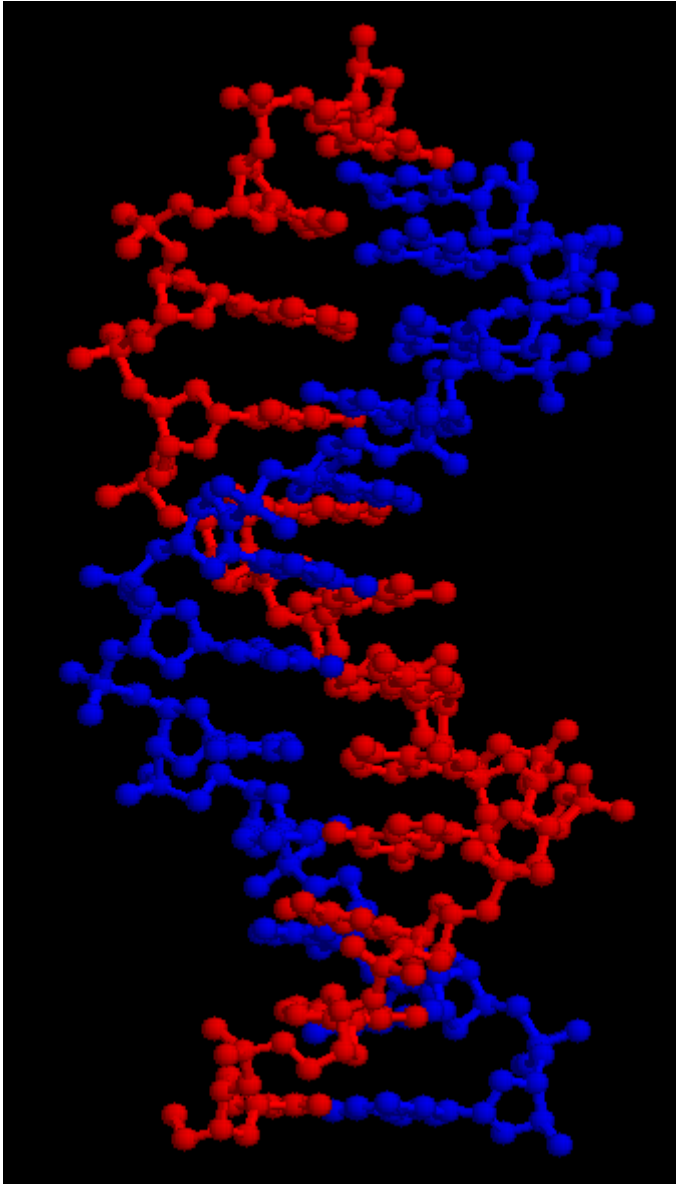




Possible ou pas ?



STRUCTURE MOLÉCULAIRE DE L'ADN

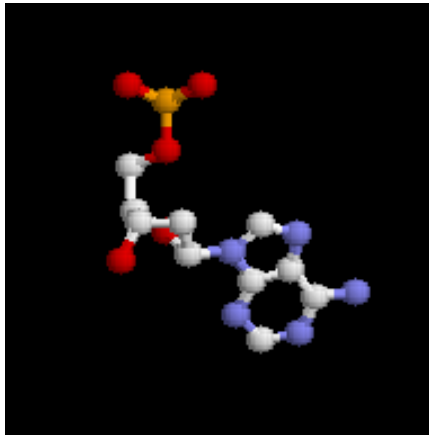


La molécule d'ADN est constituée de **2 chaînes**.

Chacune des chaînes a une apparence de spirale, on dit que l'ADN a une forme de double hélice.

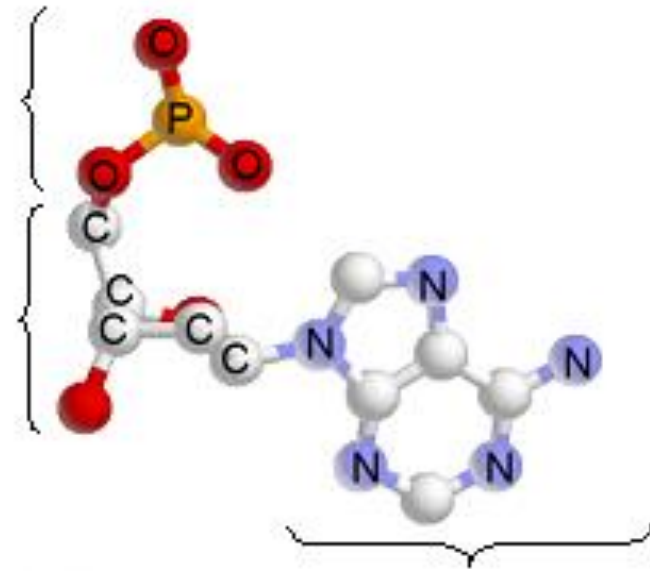


STRUCTURE MOLÉCULAIRE DE L'ADN



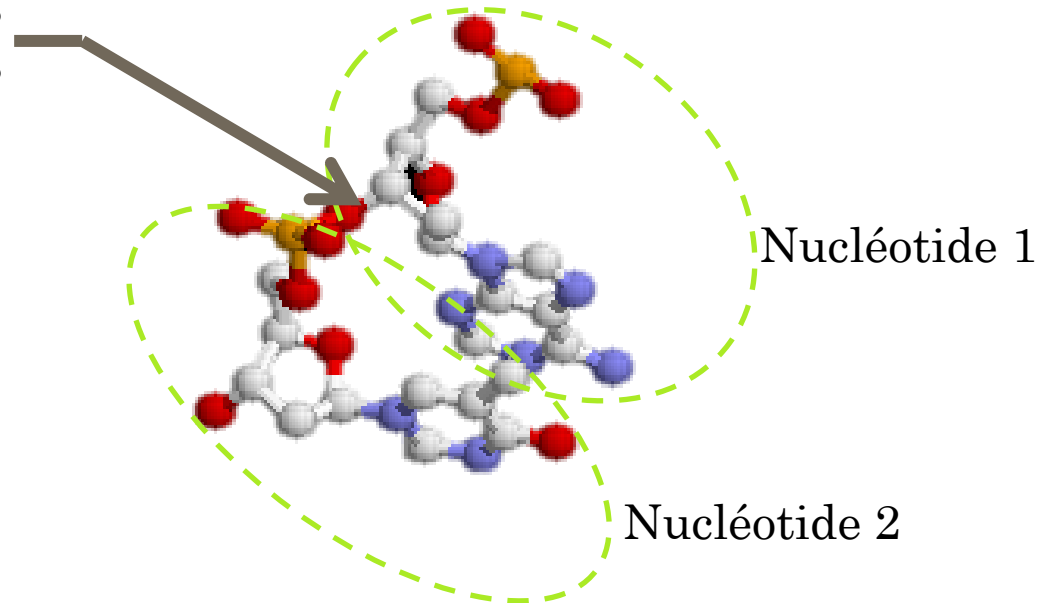
Acide
phosphorique

Sucre :
Désoxyribose



Base azotée

Liaison entre les
deux nucléotides



Les deux nucléotides
forment une liaison
entre le sucre du
nucléotide 1 et l'acide
phosphorique du
nucléotide suivant.



STRUCTURE MOLÉCULAIRE DE L'ADN



En **bleu** : nucléotide **T**

En **jaune** : nucléotide **A**

En **orange** : nucléotide **C**

En **violet** : nucléotide **G**

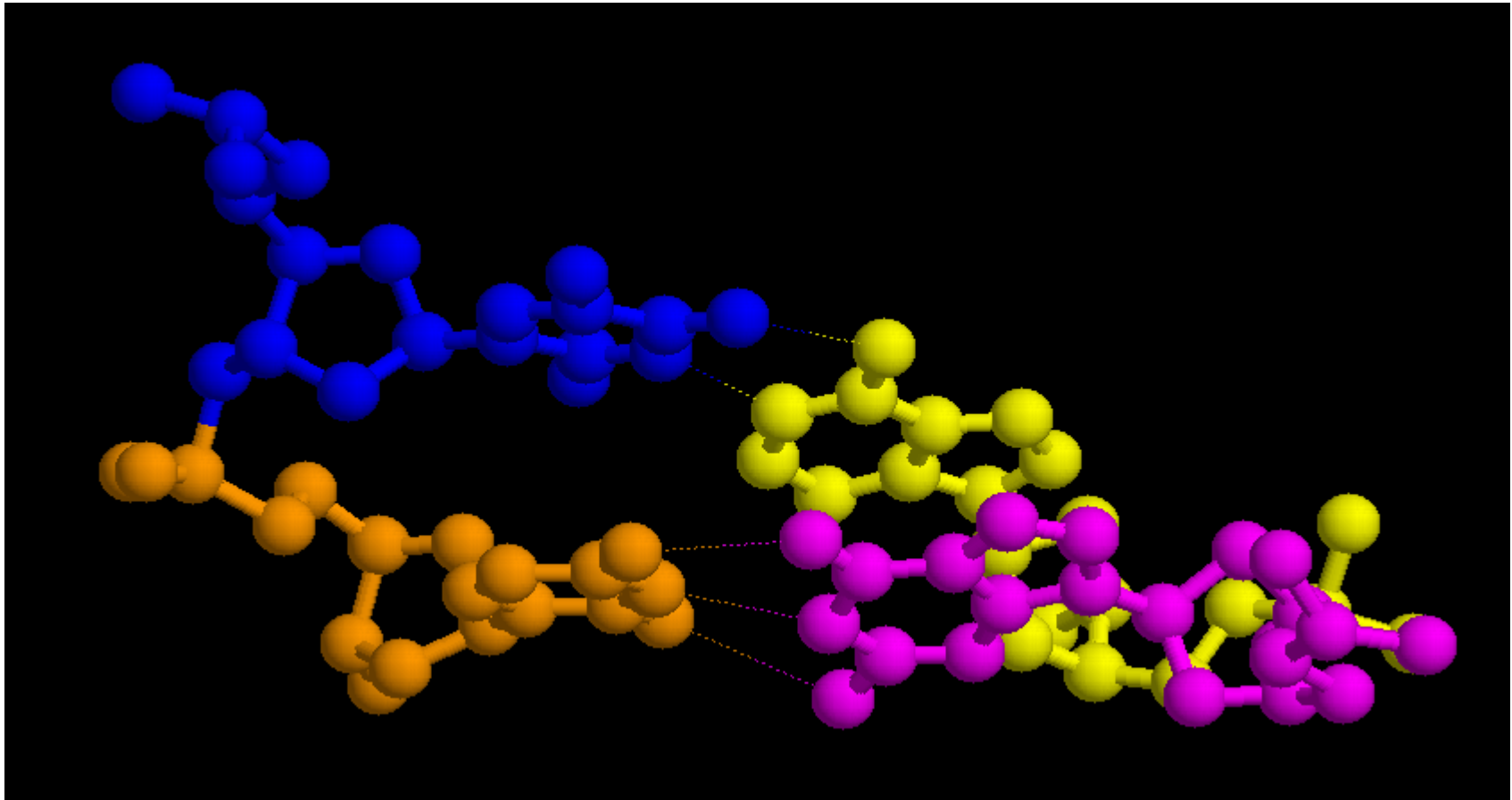
On remarque que :

lorsque sur une chaîne il y a un nucléotide T, en face sur l'autre chaîne, il y a un nucléotide A.

De même, lorsqu'il y a un nucléotide G, en face sur l'autre chaîne, il y a un nucléotide C.

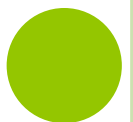


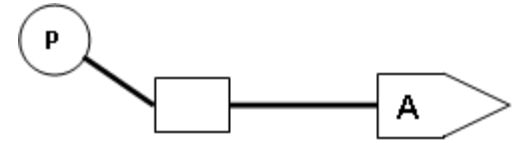
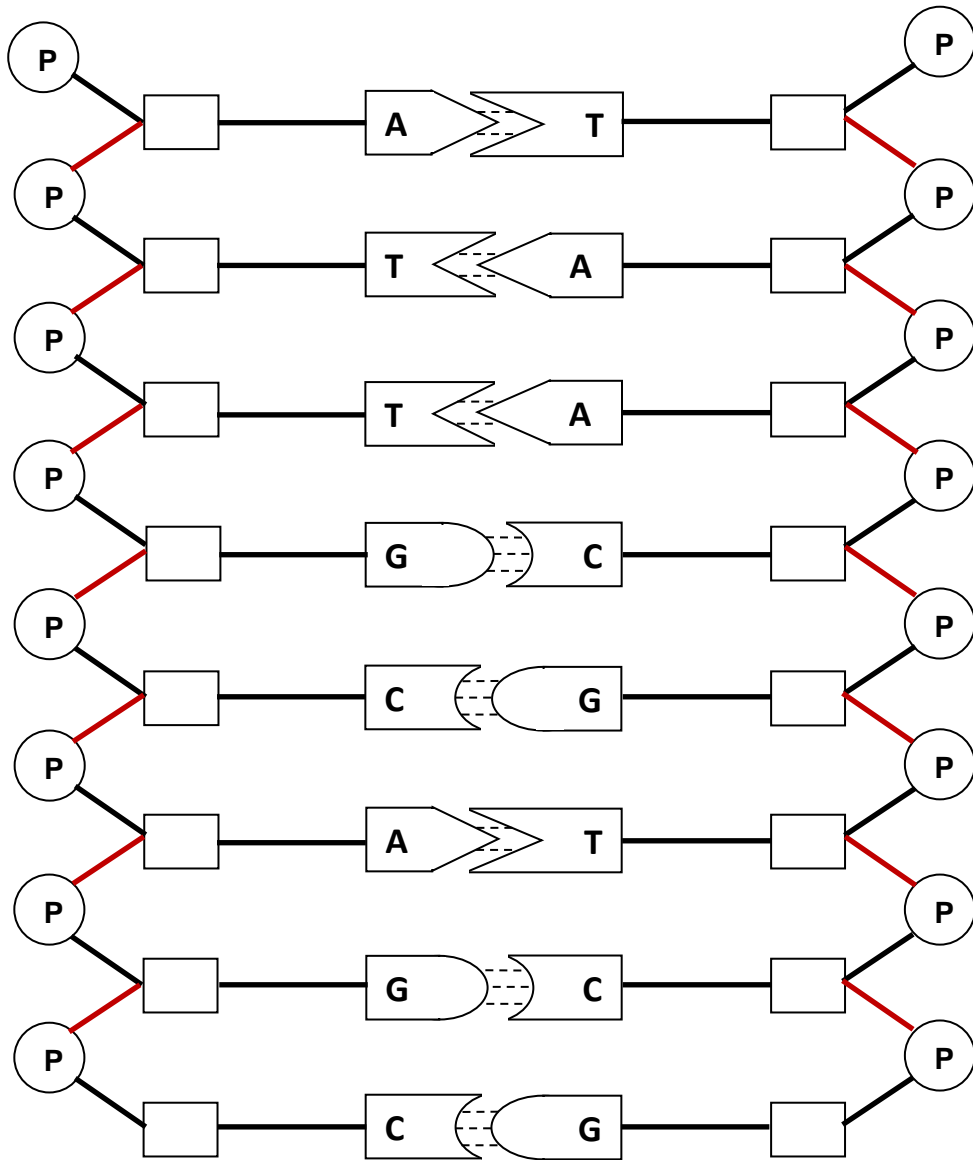
STRUCTURE MOLÉCULAIRE DE L'ADN



On observe des liaisons hydrogène entre les deux chaînes qui forment l'ADN. Ces liaisons relient les bases azotées situées en face l'une de l'autre sur chacune des deux chaînes.

On remarque : 2 liaisons hydrogène entre A et T et 3 entre G et C





Légendes

Désoxyribose	
Acide phosphorique	
Base azotée	
Liaison covalente	
Liaison hydrogène	

A ce stade de la mission, il n'y a aucune différence de forme et de structure entre l'ADN de Manon et l'ADN d'un individu sain



Correction activité 4

Hypothèses possibles :

L'information est contenue dans les bases A,T,G et C

Dans ce cas, on a donc 4 informations pour fabriquer un organisme complet, cela semble un peu juste.

De plus, comment avec ces 4 bases former des espèces différentes ?

Cette hypothèse ne paraît pas correcte.

L'information est codée par la succession des bases A,T,G et C sur une chaîne.

Dans ce cas, une succession différente des bases, entraînerait une information différente.

Si c'est le cas, Manon aurait alors dans son gène de l'hémoglobine une différence de succession des bases (ou nucléotides) par rapport au même gène chez un individu sain.

Pour le vérifier, il suffit de comparer les successions des nucléotides du gène de l'hémoglobine chez Manon et chez un individu sain.

Pourquoi ne représente-t-on que la succession des bases d'un seul brin ?

On peut déduire la succession des bases du 2^{ème} brin par complémentarité (loi de complémentarité cf. activité 3) avec le 1^{er} brin, sa représentation est donc inutile

Les nombres correspondent au numéro des bases dans la séquence

The screenshot shows a multiple sequence alignment interface. At the top, a scale from 1 to 90 indicates the position of bases. Below the scale, the title 'Alignement multiple de séquences d'ADN' is displayed. The first row, 'Identités', shows a series of asterisks indicating a perfect match. The second row, 'AlleleBetaA.adn', shows the sequence 'ATGGTGCACCTGACTCCTGAGGAGAAGTCTGCCGTTACTGCCCTGTGGGGCAAGGTGAACGTGGATGAAGTTGGTGGTGAGGCCCTGGGC'. The third row, 'AlleleBetaS.adn', shows a sequence that is identical to the reference until position 19, where it has a 'T' instead of an 'A', followed by dashes. A selection bar at the bottom indicates 'Sélection : 0/4 lignes'.

Les traits indiquent que la base du gène est identique à la séquence servant de référence (celle du dessus dans l'exemple)

	Longueur de la séquence	Nature du changement	Position du changement
Gène de Manon	444	T	
Gène d'un individu sain	444	A	20

Pour deux gènes différents, on observe que les quatre types de nucléotides se succèdent selon un ordre différent.

Les séquences de nucléotides sont donc différentes.

C'est donc la séquence (l'ordre) des nucléotides qui détermine l'information génétique.

Dans le cas de Manon, une différence dans la succession des nucléotides (un A à la place d'un T en position 20) dans le gène de l'hémoglobine est à l'origine d'une anomalie dans la fabrication de l'hémoglobine et donc de sa drépanocytose

Gène	Longueur de l'allèle	Nature du changement	Position du changement
Allèle A	1062		
Allèle B	1062	Modification de 4 nucléotides G à la place de C A à la place de G A à la place de C C à la place de G	523 700 793 800
Allèle O	1061	Un nucléotide en moins	258

La variabilité entre ces allèles provient des **mutations**.

Leur origine est commune car ces allèles possèdent beaucoup de ressemblances.