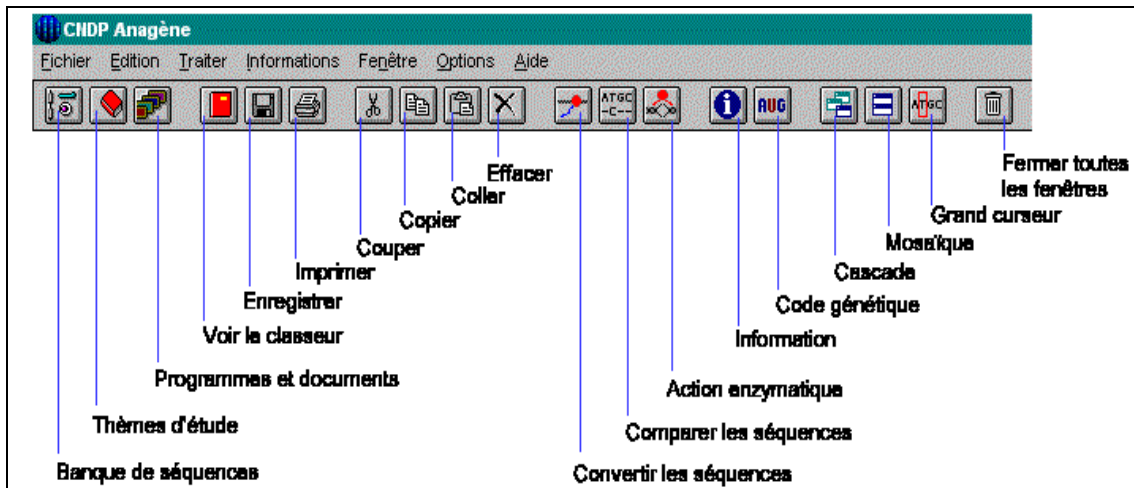


Fiche technique : utilisation d'Anagène (logiciel d'étude des données moléculaires).

Objectifs de la fiche :



1. Ouvrir des séquences (ADN ou protéine).
2. Changer de règle de numérotation & faire apparaître les triplets.
3. Obtenir des informations relatives à des séquences.
4. Comparer des séquences entre elles.
5. Convertir des séquences de nucléotides (ADN) en ARN et protéine.
6. Couper l'ADN avec des enzymes de restriction.

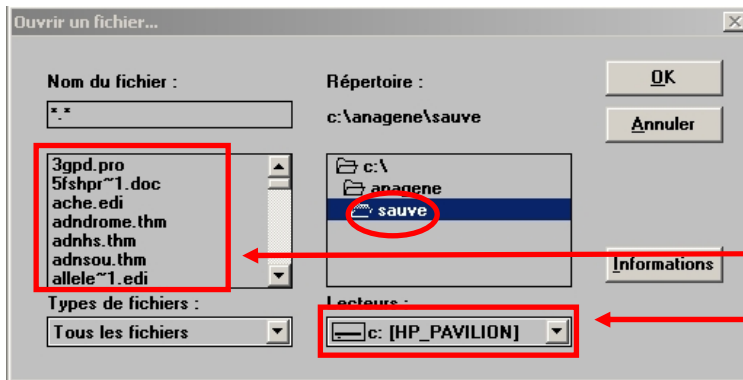


Barre de menu d'Anagène.


Objectif 1 : ouvrir des séquences (ADN et protéine)

3 possibilités au choix pour ouvrir des séquences :

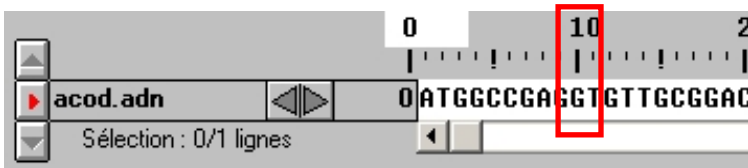
1. Cliquer sur « banque de séquences » , puis suivre le chemin indiqué par le professeur.
2. Cliquer sur « thème d'étude » , puis choisir le thème étudié indiqué par le professeur.
3. Cliquer sur « fichier », « ouvrir », la fenêtr suivante s'ouvre :



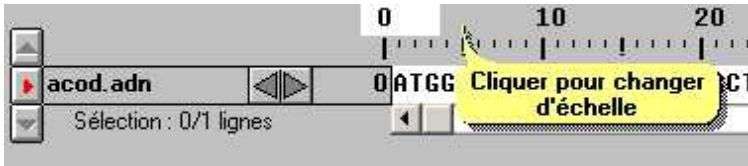
1. Les fichiers d'Anagène sont placés dans le dossier « sauvegarde » contenu dans « Anagène » : double-cliquer sur « sauve » pour ouvrir à gauche l'ensemble des fichiers Anagène de la forme « .edi »
2. Choisir dans la liste le fichier indiqué.

 Pour récupérer un fichier via le serveur, sélectionner dans « lecteurs », le chemin indiqué par le professeur.

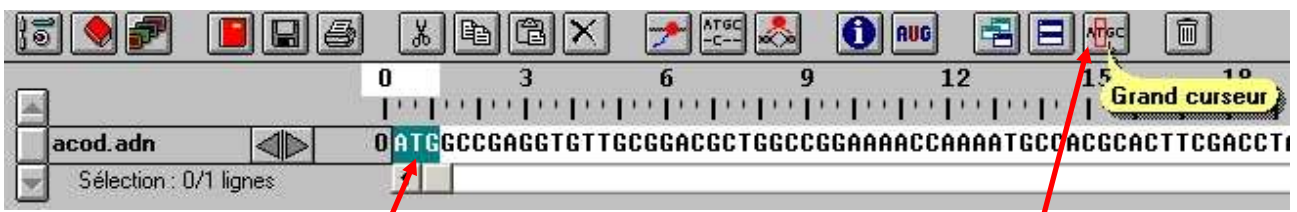
Objectif 2 : Changer de règle de numérotation & faire apparaître les triplets.



La règle au dessus, indique le numéro des nucléotides. Ici, le nucléotides n° 10 est un nucléotide à guanine.

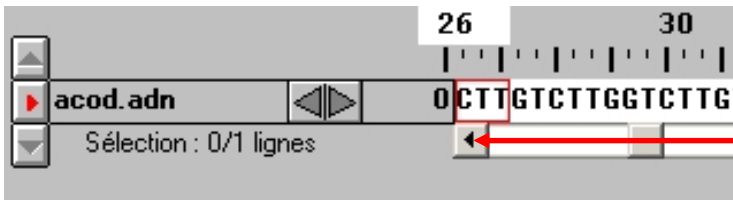


Pour changer la règle de numérotation, il suffit de cliquer sur cette règle, elle change alors d'aspect pour passer en numérotation des triplets.



Pour faire apparaître les nucléotides en triplets, il faut tout d'abord sélectionner les 3 premiers nucléotides, ici « ATG ».

Puis après avoir sélectionné les 3 premiers nucléotides, cliquer sur l'icône « grand curseur ».

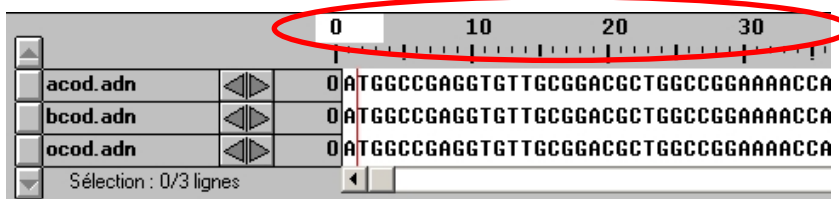


Les 2 flèches d'ascenseur en bas, permettent de parcourir la molécule et d'identifier chaque numéro.

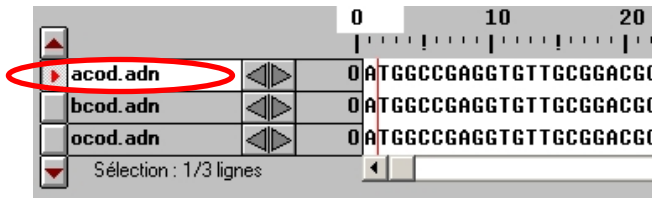
Objectif 3 : obtenir des informations relatives à des séquences.

1^{er} cas, séquences d'ADN :

Dans cet exemple, les 3 versions (alléliques) du gène codant pour le groupe sanguin sont ouvertes.



vérifier que la règle de numérotation est bien en mode « décimal », sinon double clic sur la règle.



Mettre en surbrillance la séquence désirée en cliquant dessus : elle apparaît alors en blanc !



Cliquer sur l'icône d'information pour afficher la fenêtre ci-dessous :

Informations
Imprimer Copier

acod.adn

Séquence d'ADN

1062 bases

Composition, en % du nombre total de bases :

C 30,1	G 31,2
A 19,1	T 19,6

CG / AT = 1,58

bases inconnues : 0,0 %

Commentaires :

Partie strictement codante de l'allèle A du gène responsable du système ABO des groupes sanguins.

OK
Annuler

Nom de la séquence
Nombre de nucléotides
% relatif des 4 nucléotides

2nd cas, séquences protéiques :

Dans cet exemple, 4 protéines constituant de l'hémoglobine sont ouvertes.

0 3 6 9

alpha.pro 0 MetValLeuSerProAlaAspLysThrA

beta.pro 0 MetValHisLeuThrProGluGluLysS

gamma.pro 0 MetGluHisPheThrGluGluAspLysA

delta.pro 0 MetValHisLeuThrProGluGluLysT

Sélection : 0/4 lignes

vérifier que la règle de numérotation est bien en mode « codon », sinon double clic sur la règle.

L'histidine, noté « His » est bien le 3^{ème} acide aminé de cette protéine.

0 3 6

alpha.pro 0 MetValLeuSerProAlaAs

beta.pro 0 MetValHisLeuThrProG1

gamma.pro 0 MetGlyHisPheThrGluG1

delta.pro 0 MetValHisLeuThrProG1

Sélection : 1/4 lignes

Mettre en surbrillance la séquence désirée en cliquant dessus : elle apparaît alors en blanc !



Cliquer sur l'icône d'information pour afficher la fenêtre ci-dessous :

Informations

Imprimer Copier

alpha.pro

Séquence peptidique

142 acides aminés, Masse Moléculaire : 15259,00 Da

Composition, en % du nombre total d'acides aminés :

Ala 14,8	Cys 0,7	Asp 5,6	Glu 2,8
Phe 4,9	Gly 4,9	His 7,0	Ile 0,0
Lys 7,7	Leu 12,7	Met 2,1	Asn 2,8
Pro 4,9	Gln 0,7	Arg 2,1	Ser 7,7
Thr 6,3	Val 9,2	Trp 0,7	Tyr 2,1

acides aminés indéterminés : 0,0 %

Commentaires :

Séquence protéique de la globine alpha humaine.

OK Annuler


Nom de la séquence

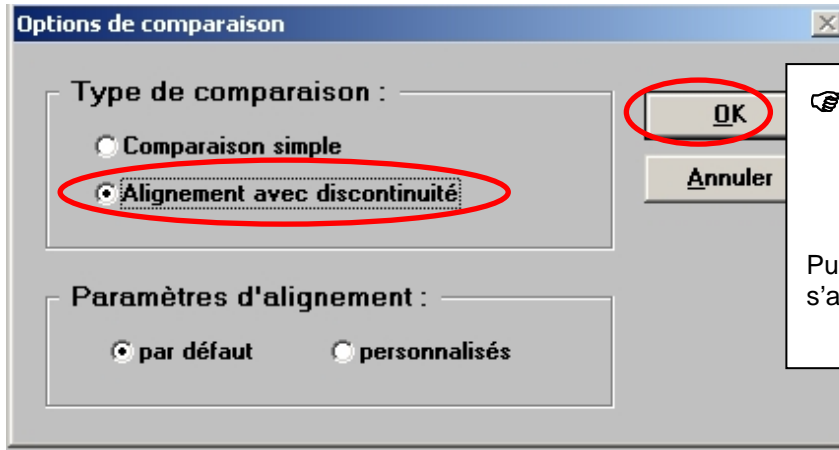
Nombre d'acides aminés

% relatif des acides aminés

Objectif 4 : comparer des séquences entre elles.

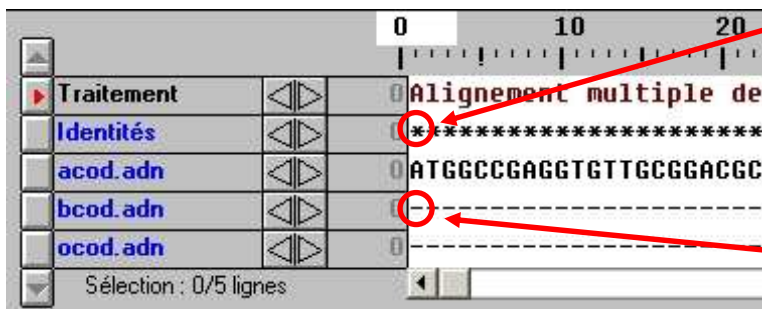
👉 Nous ne traiterons ici que la comparaison de séquences d'ADN (le traitement est identique pour les protéines). **Dans tous les cas, la séquence la plus longue sera OBLIGATOIREMENT placée en première ligne pour la cohérence des résultats !**

Sélectionner toutes les séquences à traiter (en cliquant dessus pour les mettre en surbrillance), puis cliquer sur l'icône de comparaison des séquences , la fenêtre ci-dessous apparaît :



👉 Si les séquences n'ont pas la même longueur alors sélectionner l'option « alignement avec discontinuité ».

Puis cliquer sur OK, la fenêtre de résultats s'affiche alors.



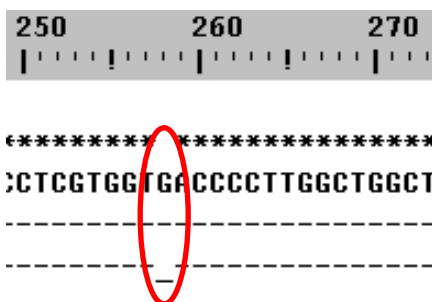
L'étoile indique que les nucléotides ici des 3 séquences sont identiques : il s'agit ici du nucléotide « Adénine » en 1^{er} nucléotide des 3 séquences.

Le tiret indique que le nucléotide est identique à celui de la séquence de référence (en première ligne).



L'absence d'étoile indique ici que les nucléotides des 3 séquences ne sont pas identiques !

👉 Ici la 2^{ème} séquence possède une « Guanine » à la place de « Cytosine ».



L'absence d'étoile indique que les nucléotides des 3 séquences ne sont pas identiques !

👉 Sur la 3^{ème} séquence on voit un tiret en dessous, ce qui signifie que la « Guanine » est absente sur cette séquence.


Vous pouvez connaître le % de différences (ou de similitudes) entre 2 séquences, pour cela :

The screenshot shows a window titled "Informations" with a menu bar containing "Imprimer" and "Copier". The main content area displays the following text:

```
bcod.adn
Séquence d'ADN alignée
longueur : 1062 bases (sans compter les discontinuités)
-> 1058 bases identiques à la séquence de référence acod.adn,
    soit 99,6 % d'identité
le signe - représente les identités
le signe _ représente les discontinuités
```

Below this text is a "Commentaires :" section with a text area containing "Partie strictement codante de l'allèle B du gène responsable d u système ABO des groupes sanguins." and buttons for "OK" and "Annuler".

A callout box on the right contains the following text:

La séquence de référence (**LA PLUS LONGUE**) est en 1^{ère} ligne.
Cliquer sur la séquence à étudier (elle apparaît alors en surbrillance) puis sur l'icône information , la fenêtre ci-contre apparaît.
% d'identité entre les 2 séquences !

A red arrow points from the text "soit 99,6 % d'identité" in the main window to the callout box.

Objectif 5 : convertir des séquences de nucléotides (ADN) en ARN et protéine.

Dans cet exemple, les 3 versions (alléliques) du gène codant pour le groupe sanguin sont ouvertes. Nous allons les convertir en protéine.

Sélectionner les séquences que vous voulez convertir (pour les mettre en surbrillance), puis cliquer



sur l'icône de conversion, la fenêtre ci-dessous s'affiche.

Options de conversion d'une séquence nucléique

Séquences à afficher :

- Brin non transcrit de l'ADN
- Brin transcrit de l'ADN
- ARN_messenger
- Peptidique

Options pour la séquence peptidique :

- Traduction simple
- Positions des phases ouvertes de lecture
- Traduction des phases ouvertes de lecture

OK
Annuler

Résultat dans la fenêtre Affichage/édition

Sélectionner l'option qui vous convient : ARNm, peptidique = protéine
NB : pour la conversion peptidique, choisir la « traduction simple ».
La fenêtre de conversion s'affiche.

Conversion

	0	3	6
Traitement	<>	0	Conversion de acod.a
Pro-acod.adn	<>	0	MetAlaGluValLeuArgTh
Traitement	<>	0	Conversion de bcod.a
Pro-bcod.adn	<>	0	MetAlaGluValLeuArgTh
Traitement	<>	0	Conversion de ocod.a
Pro-ocod.adn	<>	0	MetAlaGluValLeuArgTh

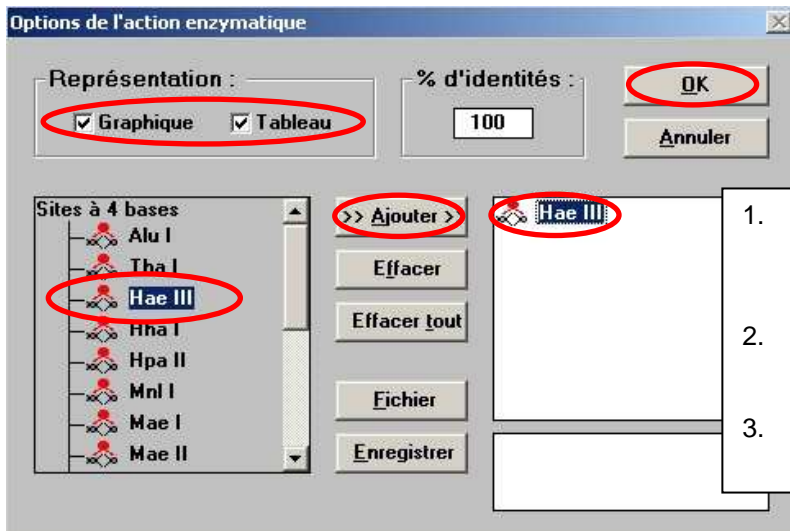
Résultats de la conversion en protéines.

Objectif 6 : couper l'ADN avec des enzymes de restriction.

Dans cet exemple, les 3 versions (alléliques) du gène codant pour le groupe sanguin sont ouvertes.

Sélectionner les séquences que vous voulez couper (pour les mettre en surbrillance), puis cliquer sur

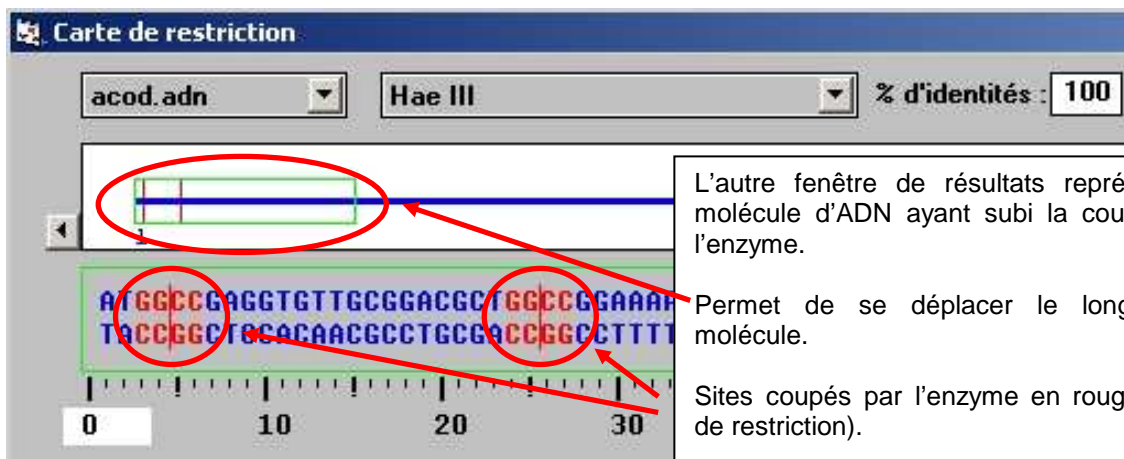
l'icône de coupure , la fenêtre ci-dessous s'affiche.



1. Sélectionner l'enzyme de restriction dans la liste proposée et les options « graphique » et « tableau ».
2. Cliquer sur « Ajouter » pour faire apparaître à droite.
3. Cliquer sur « OK », la fenêtre de résultats s'affiche.



La fenêtre de résultats vous indique le nombre de coupure réalisée par l'enzyme de restriction sur la séquence traitée (ici 12).



L'autre fenêtre de résultats représente la molécule d'ADN ayant subi la coupure par l'enzyme.

Permet de se déplacer le long de la molécule.

Sites coupés par l'enzyme en rouge (= site de restriction).