

TP05 Comment sont codées les informations génétiques?

Partie 1: Quel est le support universel de l'information génétique?(5minutes)

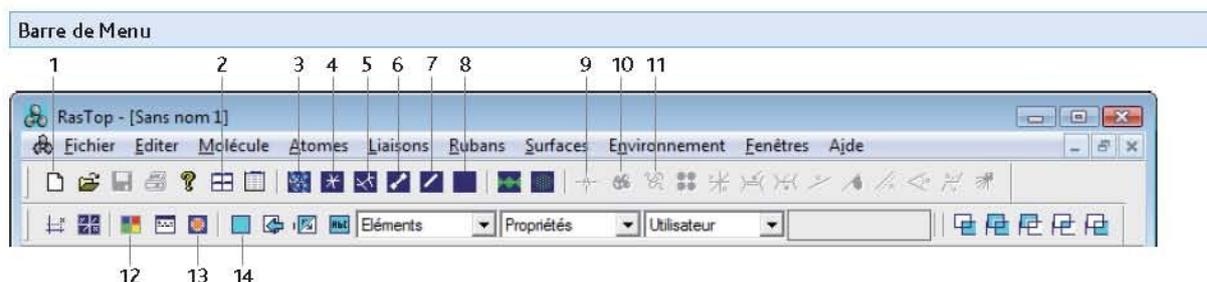
Correction de l'activité d'argumentation faite à la maison sur la transgénèse.

Partie 2: Comment s'agence l'information sur la molécule d'ADN?(35 minutes)

En interaction avec l'ensemble de la classe, nous corrigerons étape après étape de cette partie.

Activités et déroulement des activités	barème																																				
Ressources																																					
<p>Depuis les années 1940, les scientifiques savent que l'ADN est constitué de quatre unités nommées nucléotides: un nucléotide à adénine, un nucléotide à thymine, un nucléotide à guanine et un nucléotide à cytosine.</p> <p>En 1950, le biochimiste américain E. Chargaff et ses collègues ont réussi à quantifier ces nucléotides (à 0,1 % près) chez différents organismes.</p>																																					
<table border="1"><thead><tr><th>espèces</th><th>provenance de l'ADN étudié</th><th>nucléotide à adénine (A)</th><th>nucléotide à guanine (G)</th><th>nucléotide à thymine (T)</th><th>nucléotide à cytosine (C)</th></tr></thead><tbody><tr><td><i>Escherichia coli</i> (bactérie)</td><td>culture</td><td>23,7</td><td>26,3</td><td>23,6</td><td>26,4</td></tr><tr><td>hareng</td><td>sperme</td><td>27,7</td><td>22,4</td><td>27,5</td><td>22,4</td></tr><tr><td>espèce humaine</td><td>sperme</td><td>30,2</td><td>19,9</td><td>30,1</td><td>19,8</td></tr><tr><td>levure</td><td>culture</td><td>31,3</td><td>18,7</td><td>31,2</td><td>18,8</td></tr><tr><td>rat</td><td>moelle osseuse</td><td>28,6</td><td>21,5</td><td>28,4</td><td>21,5</td></tr></tbody></table>		espèces	provenance de l'ADN étudié	nucléotide à adénine (A)	nucléotide à guanine (G)	nucléotide à thymine (T)	nucléotide à cytosine (C)	<i>Escherichia coli</i> (bactérie)	culture	23,7	26,3	23,6	26,4	hareng	sperme	27,7	22,4	27,5	22,4	espèce humaine	sperme	30,2	19,9	30,1	19,8	levure	culture	31,3	18,7	31,2	18,8	rat	moelle osseuse	28,6	21,5	28,4	21,5
espèces	provenance de l'ADN étudié	nucléotide à adénine (A)	nucléotide à guanine (G)	nucléotide à thymine (T)	nucléotide à cytosine (C)																																
<i>Escherichia coli</i> (bactérie)	culture	23,7	26,3	23,6	26,4																																
hareng	sperme	27,7	22,4	27,5	22,4																																
espèce humaine	sperme	30,2	19,9	30,1	19,8																																
levure	culture	31,3	18,7	31,2	18,8																																
rat	moelle osseuse	28,6	21,5	28,4	21,5																																
<p>Doc. 1 Proportions en nucléotides de l'ADN chez différentes espèces.</p> <p>- un document historique(ci-dessus)</p> <ul style="list-style-type: none">- le logiciel RASTOP qui permet de visualiser des molécules en 3D, utiliser les molécules d'ADN proposées dans le dossier du TP: « molécules d'ADN ». Il s'agit d'infimes « morceaux » de molécules.- Un fiche d'aide RASTOP																																					
Reprendre les découvertes historiques.																																					
<p>Argumentez, en utilisant le document 1 mis à disposition, les affirmations suivantes à propos de la molécule d'ADN :</p> <p>« La molécule d'ADN est constituée de 4 entités moléculaires quelque soit l'espèce d'êtres vivants. Ces 4 entités sont associées deux par deux au sein de la molécule. »</p>																																					
Utiliser les découvertes récentes.																																					
<p>Visualiser deux ou trois molécules disponibles grâce au logiciel le logiciel RASTOP, (Dossier incontournable...) Utilisez les fonctions atome/coloré par/shapely(groupement/forme), par chaîne et CPK(par atome) afin de mettre en évidence la structure de l'ADN.</p>																																					
Présenter les résultats pour les communiquer																																					
<p>Décrire toutes les propriétés générales de cette molécule.</p> <p>(Construire une représentation adaptée qui permet de mettre en évidence la réponse à la problématique si le temps le permet.)</p>																																					
Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème																																					
<p>Proposer une hypothèse quant au système de codage de l'information dans cette molécule.</p>																																					

2 Visualiser des molécules avec le logiciel *RasTop*



1: nouvelle fenêtre	2: mosaïque de fenêtres	12: affiche la palette de couleurs
13: affiche une sélection	14: tout sélectionner	15: sélectionner
Affichage de la molécule en :		
3: sphères	4: étoiles	5: fil de fer
6: boules et bâtonnets	7: bâtonnets	8: effacer ce qui est sélectionné
Sélectionner en cliquant dessus :		
9: un atome	10: un élément	11: une chaîne
Quelques détails des menus		
Pour afficher une molécule, cliquer sur: Fichier/Ouvrir. Pour imprimer la molécule affichée, cliquer sur: Fichier/Imprimer. Pour colorer la molécule selon le code couleur de la chimie, cliquer sur: Atomes/Colorer par/CPK.		
Informations sur les molécules		
Le nom des atomes est écrit dans la fenêtre de dialogue en bas de l'écran quand on clique sur l'atome. Son nom s'affiche sous forme d'une lettre majuscule. Sa position dans la molécule est aussi précisée.		
Modifier la visualisation de la molécule		
Pour faire pivoter la molécule: faire un cliquer-glisser avec le bouton gauche de la souris. Pour utiliser l'outil zoom: Maj enfoncé, bouton gauche de la souris enfoncé; avancer la souris pour le zoom avant, reculer la souris pour le zoom arrière.		

Critères de réussite

Je réussis la visualisation et l'exploration de molécules en 3D si...

pour mettre en œuvre la démarche	je sélectionne	– en faisant un choix de molécules en réponse à l'objectif visé.
	Je visualise	– en choisissant le mode d'affichage des représentations 3D.
je respecte le protocole fourni	pour explorer et visualiser avec	– un logiciel de visualisation de molécules en 3D
j'agis de façon responsable		– en respectant les règles élémentaires du droit relatif à l'informatique et à l'internet; – en ayant une attitude critique et réfléchie vis-à-vis de l'information disponible et de son traitement; – en distinguant réel et virtuel, réalité et simulation.
	j'organise mon travail	– par une gestion individuelle et collective de mon poste et de mon espace numérique de travail; – par une répartition responsable et cohérente des tâches.

Critères d'évaluation

- Choix des molécules à traiter
- Choix du traitement de la molécule (affichage en boules et sphères, coloration)
- Utilisation maîtrisée des fonctionnalités de *RasTop*
- Cohérence et exactitude des résultats
- Gestion du poste



Partie 3: Comment est codée l'information génétique sur les chromosomes? D'où viennent nos différences? (40 minutes)

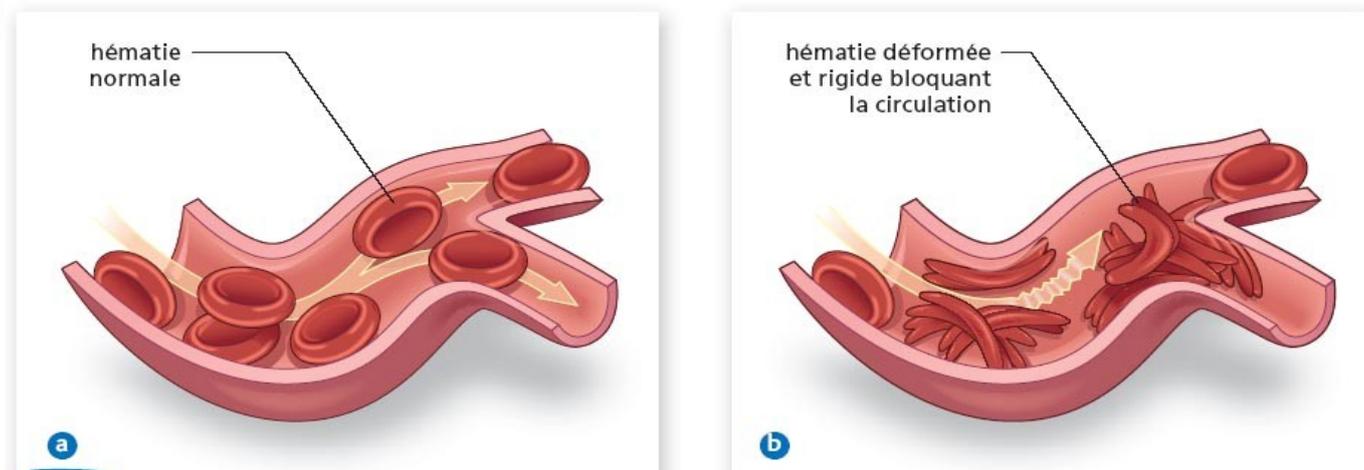
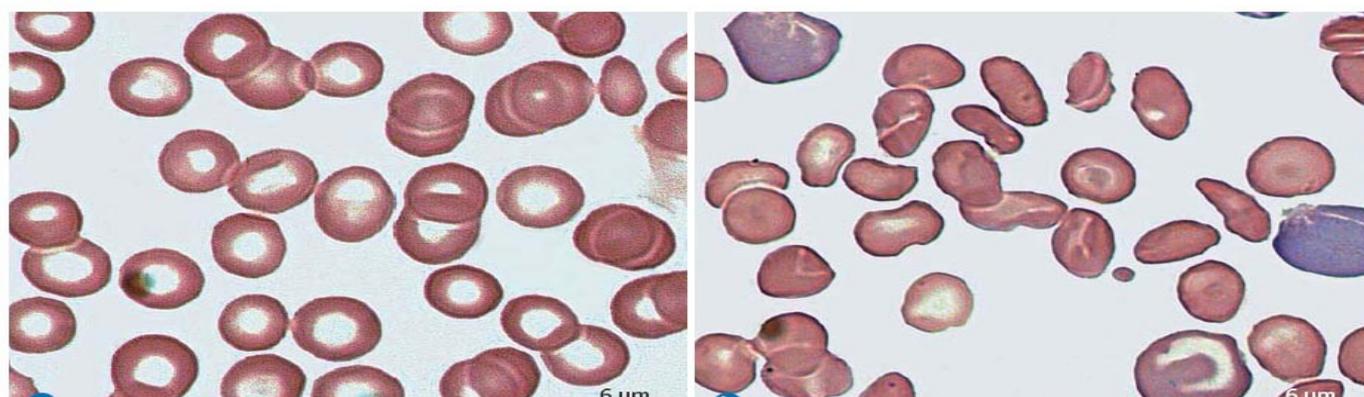
Exemple de deux caractères: celui de l'individu sain et celui d'un individu drépanocytaire.

Activités et déroulement des activités	barème
Ressources	
- Un ensemble de documents variés à propos de cette maladie étudiée. - Un logiciel ANAGENE, deux séquences de molécules d'ADN codant pour la chaîne Bêta de l'hémoglobine: bêta A et bêta S. Une fiche d'aide Anagène. - Grâce au logiciel Anagène, les deux séquences d'ADN à ouvrir sont : bêtacod.adn et drepcod.adn. Les fichiers se situent dans la banque de séquences / les chaînes de l'hémoglobine/bêta/séquences normales ET les chaînes de l'hémoglobine/bêta/séquences mutées.	
Étape 1 : Concevoir une stratégie pour résoudre une situation problème	
Proposer, en utilisant les documents et le logiciel mis à disposition, la démarche qui vous permettrait de répondre à la problématique.	2
Étape 2 : Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables	
Réaliser les manipulations informatiques qui permettent de répondre à la problématiques en faisant preuve de rigueur expérimentale.	
Étape 3 : Présenter les résultats pour les communiquer	
Construire une représentation adaptée qui permet de mettre en évidence les liens existant entre les symptômes de la maladie et le programme génétique..	4
Étape 4 : Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème	
Accompagner la représentation proposée d'un texte explicatif.	4

Au début du xx^e siècle, le médecin américain J. Herrick décrit pour la première fois une maladie, la drépanocytose, chez un patient hospitalisé. À l'échelle de l'organisme, le sujet souffre d'une **anémie**, de palpitations et d'un essoufflement.

J. Herrick note que certains membres de la famille du patient présentent les mêmes symptômes.

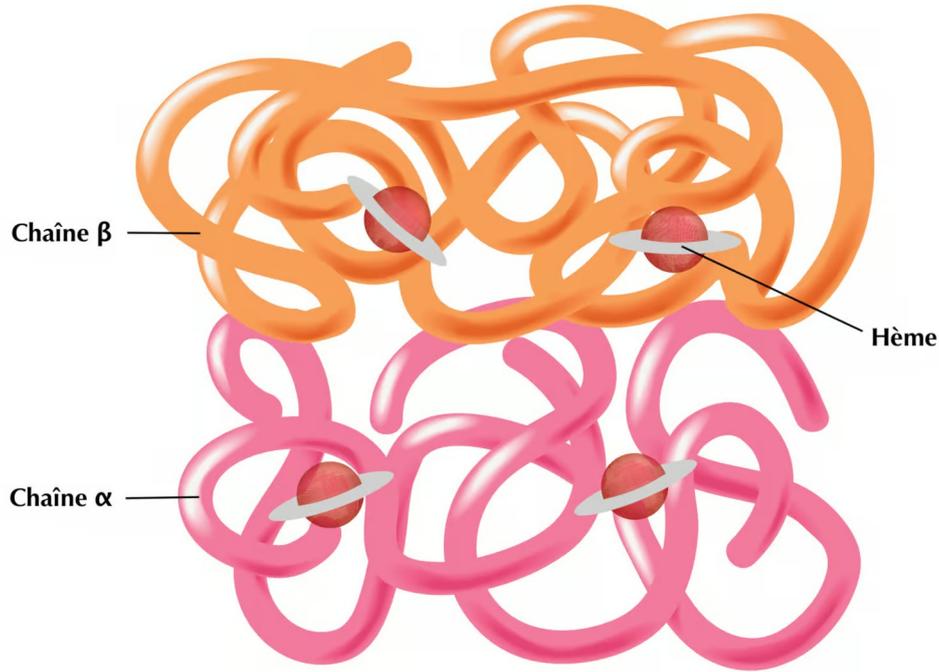
Une observation microscopique du sang de la personne atteinte permet d'identifier l'origine de la drépanocytose à l'échelle cellulaire [Doc. 1].



Doc. 2 Circulation sanguine chez un individu non malade (a) et chez un individu drépanocytaire (b).

(a) Les hématies sont souples et circulent normalement. (b) Les hématies déformées et rigides peuvent bloquer la circulation et former des caillots.

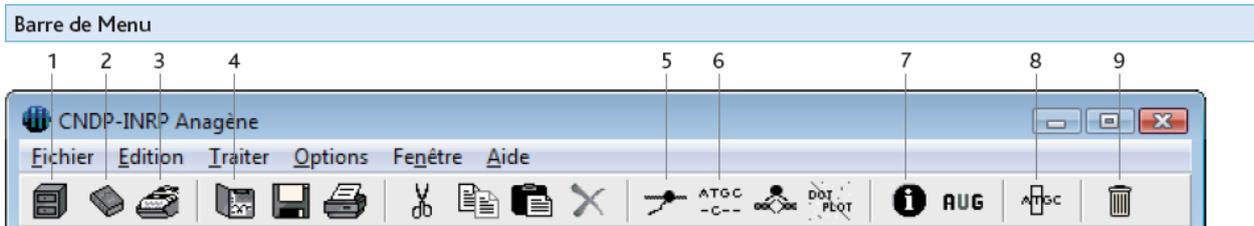
Molécule d'hémoglobine : Constituée de 4 chaînes protéiques identiques deux à deux : deux alpha et deux bêta. Chaque chaîne est associée à un hème et peut porter une molécule de dioxygène.



Une protéine est constituée d'un enchaînement d'acides aminés organisés dans un ordre précis. Cet ordre est imposé par l'information génétique. Le moindre bouleversement de cet ordre des acides aminés peut rendre la protéine non fonctionnelle.

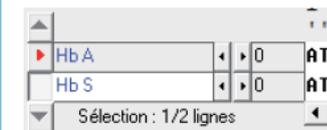
Rappel : le caractère « drépanocytaire » est associé au seul gène de la chaîne bêta de l'hémoglobine. L'allèle qui donne la maladie s'exprime de façon **récessive** par rapport à celui qui ne la donne pas. Je vous rappelle que nous avons **chaque gène présent en deux exemplaires** ! (sauf chez les garçons pour les gènes portés par le chromosome X)

3 Comparer des séquences nucléotidiques avec le logiciel *Anagène*



1: banque de séquences 2: thèmes d'étude 3: programmes et documents	4: voir le classeur 5: convertir les séquences 6: comparer les séquences	7: information sur ligne pointée 8: grand curseur 9: fermer toutes les fenêtres
---	--	---

Sélectionner une séquence



Cliquer sur le bouton de sélection. Le nom de la séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc.
On peut sélectionner plusieurs séquences.
Le triangle rouge indique la molécule que l'on peut déplacer à l'aide des flèches grises "haut-bas" et pour laquelle on a des informations

Comparer des séquences

La comparaison des séquences ne peut se faire que sur des séquences de même nature. Les flèches grises « haut-bas » permettent de placer la séquence de référence.
Utiliser le menu Traiter/Comparer les séquences ou Comparer les séquences.
La comparaison simple permet de comparer point par point des séquences sans aucun alignement, les similitudes sont repérées par des "-" et les différences par la lettre du nucléotide.

Critères de réussite

Je réussis la comparaison de séquences nucléotidiques si...

pour mettre en œuvre la démarche	je sélectionne	- en faisant un choix de molécules en réponse à l'objectif visé.
	j'organise et je traite des données	- en choisissant la comparaison de séquences (comparaison simple ou avec alignement).
	Je visualise	- en choisissant le mode d'affichage.
je respecte le protocole fourni	pour visualiser et traiter des données avec	un logiciel de traitement de données génétiques
j'agis de façon responsable		- en respectant les règles élémentaires du droit relatif à l'informatique et à l'internet; - en ayant une attitude critique et réfléchie vis-à-vis de l'information disponible et de son traitement; - en distinguant réel et virtuel, réalité et simulation.
j'organise mon travail		- par une gestion individuelle et collective de mon poste et de mon espace numérique de travail; - par une répartition responsable et cohérente des tâches.

Critères d'évaluation

- Choix des séquences à traiter
- Choix du traitement de la séquence (comparaison par alignement ou simple)
- Utilisation maîtrisée des fonctionnalités d'Anagène (sélection, information sur ligne pointée, changement d'échelle)
- Cohérence et exactitude des résultats
- Gestion du poste

