

Le logiciel Anagène est un logiciel qui permet de comparer la séquence d'un gène chez différents individus.

Un gène correspond à une portion d'ADN. Il est représenté par sa séquence qui est une suite de nucléotides A, T, C et G dont l'ordre constitue un message. **Une modification dans la séquence de nucléotides d'un gène est appelée une mutation.**

On cherche à comparer le gène *pannier* (dont vous avez identifié le rôle précédemment) présent chez les coccinelles arlequins Red n spots et Black 4 spots.

> **Ouvrir le fichier :**

1. Ouvrir le logiciel Anagène 2 : sur le bureau de l'ordinateur, ouvrir le dossier SVT

Ouvrir le fichier *pannier.edi* contenant les séquences à étudier : Fichier / Ouvrir / groupe classe /travail/pannier.edi

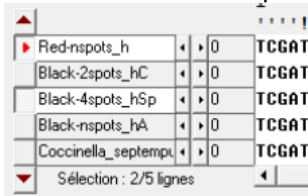
Dans une fenêtre nommée « Affichage des séquences », apparaissent 5 lignes avec une succession des lettres A, T, C et G correspondant aux séquences du gène *pannier* chez 5 coccinelles :

- 4 coccinelles arlequins (Black-2spots, Black-4spots, Black-nspots et Red-nspots)
- une coccinelle à 7 points (*Coccinella septempunctata*).

> **Sélectionner les séquences à étudier :**

2. Placer la séquence Red-nspots en référence : sélectionner la séquence d'intérêt en cliquant sur le carré positionné avant son nom (un triangle rouge apparaît) puis avec les triangles marrons, la déplacer en première position.

Sélectionner les séquences : Black 4 spots et Red n spots : Cliquer sur le carré positionné avant le nom de la séquence d'intérêt. Si la séquence est correctement sélectionnée, le carré apparaît en « renforcement » et le nombre de séquences sélectionnées est indiqué en bas de la fenêtre.



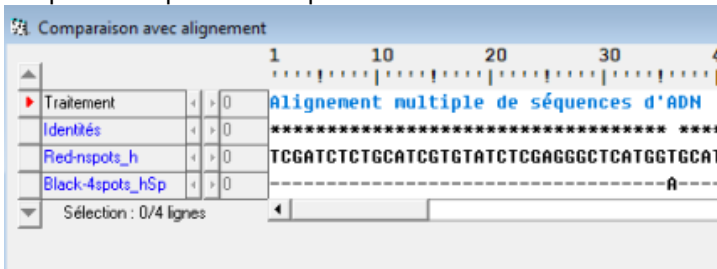
> **Comparer les 2 séquences**

3. Traiter / Comparer les séquences/ choisir une comparaison alignement avec discontinuité

Le résultat de la comparaison apparaît dans une nouvelle fenêtre en bas.

La séquence placée en premier représente la séquence de référence.

Sur la séquence de référence apparaît la succession ordonnée des nucléotides et au-dessus une échelle graduée indiquant leur position est présente.

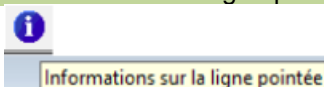


Sur la séquence comparée :

- Lorsque les nucléotides sont identiques à la séquence de référence, le symbole – apparaît.
- Lorsque les nucléotides sont différents, la lettre modifiée est indiquée.
- Lorsque des nucléotides ont été supprimés, le symbole _ apparaît.

4. Déplacer le curseur tout au long des séquences pour repérer rapidement les différences entre les séquences.

5. Sélectionner la séquence Black-4 spots (clic sur le carré positionné avant son nom) puis sélectionner l'icône « information sur la ligne pointée ». Une fenêtre apparaît et indique le nombre de différences entre les 2 séquences.



6. Répondre à la question 3 du TP.