

Seqaid

Le but de ce travail est d'utiliser un outil informatique qui permet très rapidement de faire les opérations suivantes :

- ◆ Traduire une séquence nucléique en séquence protidique
- ◆ Déterminer les séquences nucléiques possible, qui coderaient une séquence protidique connue.
- ◆ Comparer deux brins d'ADN ou deux protides.

Pour commencer, il faudra charger la séquence nucléique et peptidique de l'hémoglobine normale..

Mode d'emploi succinct :

Pour accéder à une commande du menu il suffit de taper sur la lettre en surbrillance (logiciel sous DOS, pas de souris). Ainsi LC, permet de Charger un fichier, etc.... (En cas d'erreur, R pour retirer)

Les fichiers à étudier sont dans le répertoire c:\BIOLOGIE\SEQAID\PREMIERES.LES et dans le sous-répertoire ALLELES.HBB
BETACOD.ADN contient la séquence de nucléotides correspondant à l'hémoglobine bêta (partie codante seulement) ;
la protéine normale est dans le fichier BETA.PRO.

Vous pouvez traduire le brin d'ADN (commande T) pour ensuite comparer votre traduction avec la vraie protéine.
Explications complémentaires sur demande.

Vous pouvez Afficher les séquences nucléiques possibles, correspondant à BETA.PRO.

Il existe de nombreuses personnes qui ont une hémoglobine anormale. Certaines de ces maladies sont répandues ; ainsi la drépanocytose touche un pourcentage important de la population en Afrique. Certaines thalassémies sont communes dans les pays du pourtour méditerranéen. Ces déficiences sont dues à des modifications de l'ADN – les mutations – qui se traduisent en protéines anormales.

La suite de ces Travaux Pratiques sert à comprendre précisément ce que sont les diverses mutations.

La drépanocytose est dans les fichiers DREP, l'hémoglobinose C dans les fichiers HEMC, diverses thalassémies dans les fichiers THA1 à THA8.

Ensuite servez-vous de la commande « Comparer deux séquences ».

On pourra comparer deux à deux la séquence peptidique avec la séquence normale, la séquence nucléique de l'allèle muté avec la séquence de l'allèle normal

Guide pour le travail à effectuer :

(Répartition des mutations entre les différents groupes)

Vous ferez un récapitulatif des informations extraites à partir des différents traitements. En particulier pour chaque mutation étudiée :

- à quelle position,
- quelle modification exacte entre l'ADN normal et l'ADN muté,
- quelle conséquence pour le polypeptide formé.

À partir de votre récapitulatif, vous ferez un classement des diverses sortes de mutations.