## ANAGENE

Le logiciel anagène permet d'afficher des séquences nucléotidiques d'ADN. Il « lit » les fichiers qui ont pour extension .edi. Il permet de comparer des séquences nucléotidiques.

**Objectif : Organiser son travail avec le logiciel anagène** 

Pour travailler en autonomie, suivre les conseils :

#### 1<sup>ère</sup> étape : savoir comparer avec anagène des séquences de nucléotides 1) Ouvrir Anagène, puis dans « fichier » cliquez sur « ouvrir » puis choisir le répertoire, puis le dossier dans lequel sont déposés les fichiers en .edi : vous ouvrirez successivement amylase.edi, glucagon.edi puis insuline.edi 2) Après avoir ouvert les 3 fichiers .edi à partir du logiciel, vous obtenez à l'écran : Des séquences nucléotidiques s'affichent. Elles correspondent aux trois gènes à étudier (les mettre dans l'ordre indiqué ci-dessous à l'aide de l'ascenseur vertical si ce n'est pas comme indiqué) 3) Sélectionner la première séguence amylase.adn en cliquant sur la case, son nom apparaît alors sur fond blanc Fichier Edition Traiter Options Fenêtre Aide B ATGC PLOT X 🗈 🖪 🗙 AUG AUG ATTGC ~ Affichage des séquences 10 20 40 1 50 60 30 ....i....l....i....l...i....l....i....l...i....l.. + + 0 ATGAAGCTCTTTTGGTTGETTTTCACCATTGGGTTCTGCTGGGCTCAGTATTCCTCAAATAC amylase.adn GCATAGAATGCAGATGAGCAAAGTGAGTGGGGAGGGGAAGTCATTTGTAACAAAAACTCATTI < > 0 glucagon.adn • • 0 ATGGCCCTGTGGATGCGCCTCCTGCCCCTGCTGGCGCTGCTGGCCCTCTGGGGACCTGACCCI insuline.adn • Sélection : 1/3 lignes

## 4) Cliquer sur l'icône « i ». Une nouvelle fenêtre s'affiche :

Intrimer Fober	Nom du gène (amylase.adn)
Séquence d'ADN 1567 bases Composition, en % du nombre total de bases :	Nature de la séquence (type de molécule) Nombre de bases = <b>nombre de nucléotides</b>
C 17,1 G 24,2 A 29,3 T 29,4	% des différents nucléotides
CG / AT = 0,70 bases inconnues : 0,0 %	En sélectionnant successivement les séquences, vous obtiendrez le nombre de nucléotides de chaque gène.

#### 5) Sur votre cahier, construire un tableau indiquant pour chaque gène le nombre de nucléotides :

	Gène	Nombre de nucléotides
⇔	Puis notez vos observations	

## 6) Sélectionner les 3 séquences car on souhaite savoir si ces séquences de nucléotides sont très différentes.

Sélectionner alors dans la barre des menus « Traiter », une nouvelle fenêtre s'affiche :

ier Edition	Traiter Options Fenêtre Aide			
\$ <i>A</i>	Convertir les séquences	F7 🛃	Options de comparaison	
	Comparer les séquences	F8		
Affichage des	Action enzymatique F9	F9	Type de comparaison :	
1	Graphique de ressemblance	F4 .	Comparaison simple	
amylase.adn	ATGAAGCTCTTTTGGT	TGCTTT	Alignement avec discontinuité	Annuler
glucagon.adn	↓ 0 GCATAGAATGCAGATG	AGCAAA		
insuline.adn	<ul> <li>↓ 0 ATGGCCCTGTGGATGC</li> </ul>	GCCTCC	Alignement par paires accéléré	Ignorer le

Après quelques secondes, une nouvelle fenêtre s'affiche :



#### => Noter vos observations sur le cahier

# <u>2<sup>ème</sup> étape : traduire les séquences nucléotidiques en séquences d'acides aminés à l'aide</u> d'Anagène (revoir vidéo si nécessaire)

1) <u>Sélectionner à nouveau les 3 séquences nucléotidiques dans la 1<sup>ère</sup> fenêtre, puis dans la barre des</u> <u>menus, sélectionner « Traiter » puis Convertir les séquences</u>



#### 🕅 Affichage des séquences 10 20 30 40 1.1.1 +0 ATGAAGCTCTTTTGGTTGCTTTTCACCATTGGGTTCTGCTGGGCTCAGTATT amylase.adn glucagon.adn + 0 GCATACAATGCAGATGAGCAAAGTGAGTGGGAGGGGAAGTCATTTGTAACA insuline.adn 10 ATGGCCCTGTGGATGCGCCTCCTGCCCCTGCTGGCGCTGCTGGCCCTCTGGG <sup>b</sup>ro-amylase.adn 4 + 0 WetLysLeuPheTrpLeuLeuPheThrIleGlyPheCysTrpAlaGlnTyrS Preglucagon.adn < > 0 AlaYurAsnAlaAspGluGlnSerGluTrpGluArgGluValIleCysAsnL MetAlaleuTrpMetArgLeuLeuProLeuLeuAlaLeuLeuAlaLeuTrpG Pr -insuline.adn + + 0 Sélection : 0/6 lignes 4 Pro-amylase correspond à la traduction du gène amylase.adn Met, Glu, Ser etc : abréviations des acides aminés Vous allez maintenant réinvestir ce que vous avez appris sur les fonctionnalités du logiciel

pour comparer les 3 protéines et mettre en relation avec les séquences de nucléotides des gènes