

L'INFORMATION GENETIQUE COMMUNE A TOUTES LES CELLULES

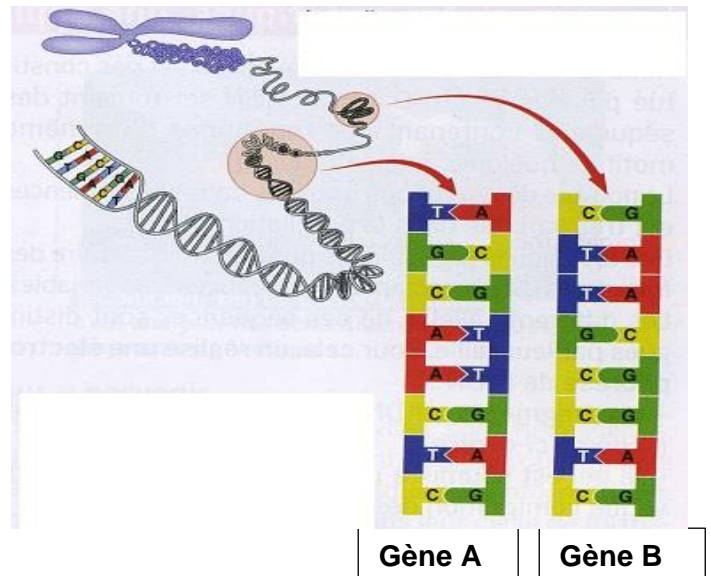
Activité 1 : Expliquer pourquoi toutes les cellules possèdent le même caryotype et donc la même information génétique d'après le document 1 p 20

Activité 2 : Structure de la molécule d'ADN

Ouvrir le logiciel Rastop dans « tous les programmes_SVT_logiciels biologie_Rastop203vf_Rastop.exe
Suivre le protocole, répondre aux questions et compléter le schéma.

Activité 3 : L'ADN, support d'une information génétique.

Les 23 paires de chromosomes de l'espèce humaine contiennent de l'ADN portant environ 25 000 gènes définissant notre espèce. Les généticiens ont montré qu'un gène est disposé sur un chromosome précis, et à une position déterminée.



Suivre le protocole d'utilisation d'ANAGEN afin de comparer 2 gènes.

Définir un gène.

Pourquoi peut-on dire que l'ADN porte une information génétique ?

Activité 4 : Origine de la spécialisation des cellules

Rédiger un texte pour justifier l'affirmation proposée p 21 « parcours Tâche complexe ». S'aider du « parcours pas à pas » pl à la fin du livre.

AUTO-ÉVALUATION entourer la case qui d'après vous correspond à votre travail.

Mon texte n'apporte pas de réponse au problème	Mon texte répond au problème mais la réponse est partielle (1 ou 2 arguments) ou erronée	La réponse au problème est complète (nombre d'arguments tirés des docs suffisants) mais elle est mal organisée	La réponse au problème est complète (nombre d'arguments extraits des docs suffisants) et est organisée . Des relations logiques apparaissent entre les différents arguments (« en effet, ainsi, à l'inverse, par conséquent, en outre... »)
☹️ ☹️ ☹️	☹️	😊	😊😊😊

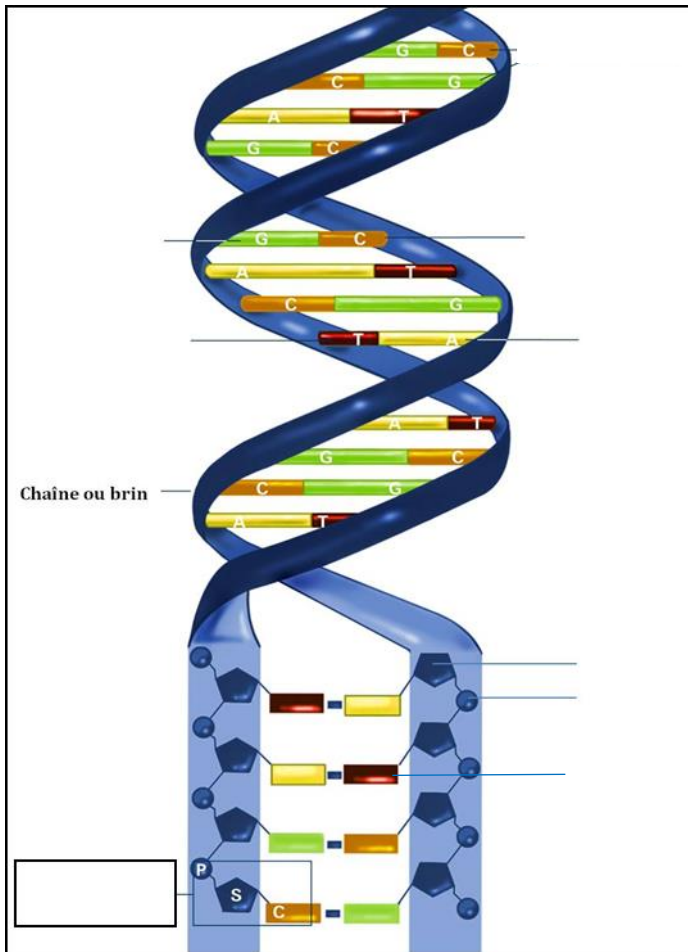


Schéma d'une molécule d'ADN à compléter

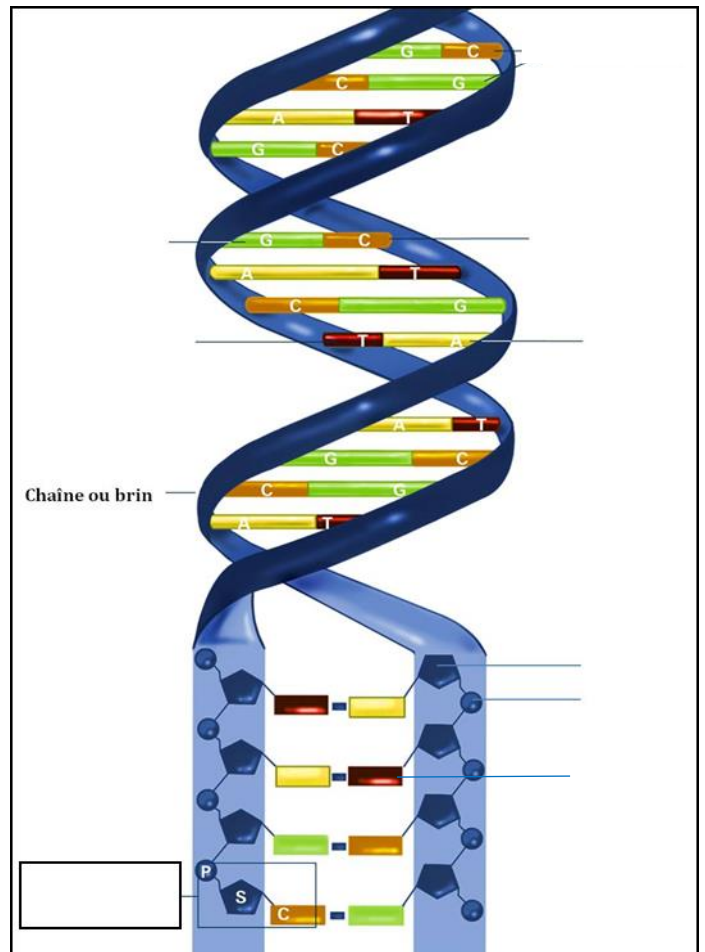


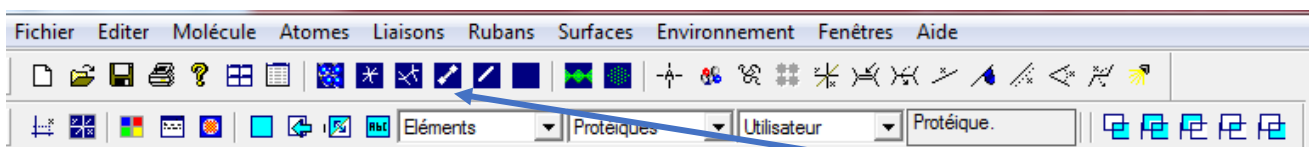
Schéma d'une molécule d'ADN à compléter

Fiche d'exploitation du logiciel Rastop

1. Ouvrir le logiciel RASTOP et le fichier de la molécule

a. Choisir dans menu principal : **fichier** → **ouvrir** et dans le menu déroulant choisir Ordinateur ↪ commun ↪ SVT ↪ professeurs ↪ HODOT ↪ seconde ↪ **Activité ADN**

b. choisir 1 molécule d'ADN à ouvrir parmi les 4 : **adn_humain.pdb**, **adn-ecoli.pdb** (ADN de bactérie), **adn-levure.pdb**, **adn-rat.pdb**.



c. Modifier l'aspect de la molécule : Choisir la représentation en "**boules et bâtonnets**."

2. Etudier l'organisation de la molécule d'ADN dans l'espace

a. **Atome** → **Colorer par** → **chaîne**

Observer le nombre de brins formant la molécule d'ADN.

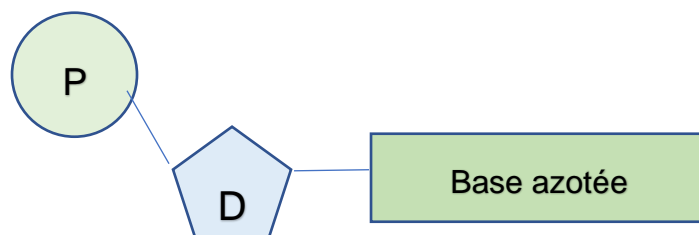
☞ **Comment sont-ils organisés ? Décrire la forme de la molécule.**

3. Etudier l'organisation des brins d'ADN

a. **Atome** → **Colorer par** → **Forme**

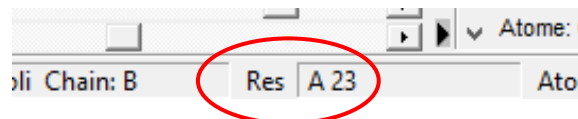
b. Repérez différents groupes d'atomes qui se répètent le long du brin. Chacun de ces groupes colorés est un **nucléotide**.

Un nucléotide est formé d'un groupement phosphate P, d'un sucre (desoxyribose), et d'une base azotée (qui donne son nom au nucléotide).



4 nucléotides existent : Adénine, Thymin, Guanine, Cytosine.

En cliquant sur un groupement, le nom de la base apparaît en bas de la fenêtre. Ici la base est un A donc une adénine.



Cliquez sur différents groupes.

☞ **Indiquez quels sont les nucléotides qui sont toujours deux à deux (face à face) permettant aux deux chaînes de s'associer.**

4. Comparer les 4 molécules d'ADN

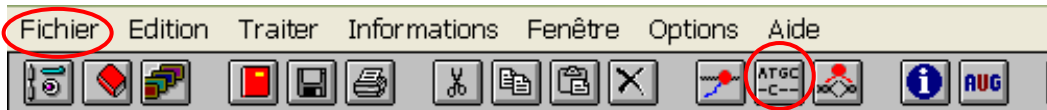
a. Ouvrir les 3 autres molécules d'ADN

b. Choisir la représentation en "**mosaïque**" ou "**cascade**" pour pouvoir comparer les 4 molécules d'ADN.

☞ **Que constatez-vous quant à la structure de l'ADN dans le monde vivant ?**

Fiche d'exploitation du logiciel ANAGEN

a : Ouvrir **ANAGENE**



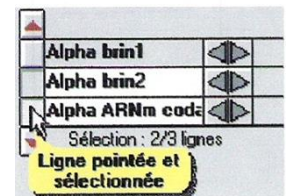
b : **FICHIER** / banque de séquences / Les chaînes de l'hémoglobine / alpha :
sélectionner **alpha.adn** / OK.


Recommencer pour la chaîne beta de l'hémoglobine et sélectionner **beta.adn** / OK.

⇒ **Combien de nucléotides contient chaque gène ?**

c : **Comparer** les 2 séquences. Pour ce faire :

- Sélectionnez les séquences à comparer (deux à deux) avec le bouton de sélection de la souris comme indiqué ci-contre :



- Cliquez ensuite sur « **traiter** », « **comparer les séquences** » ou l'icône : 
- Cliquez sur « **alignement avec discontinuité** »

Remarque : le résultat s'affiche dans une fenêtre en dessous de la fenêtre d'affichage des séquences.

La première séquence est la séquence de référence pour la comparaison. Si des nucléotides sont similaires entre les molécules comparées, un trait remplace le nucléotide.

Vous pouvez obtenir des informations sur la séquence sélectionnée à l'aide de l'icône



⇒ **Comparez seulement les 20 premiers nucléotides des deux gènes : Que constatez-vous ?**

Définir un gène.

Pourquoi peut-on dire que l'ADN porte une information génétique ?