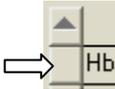


Objectif : rechercher le lien entre l'ADN et les protéines

Capacités : *B1 : Saisir des informations et les relier au problème*
C3 : Utiliser l'outil informatique

FICHE TECHNIQUE D'UTILISATION DU LOGICIEL ANAGÈNE

Cap	BAREME	ACTIVITES ET CONDITIONS DES ACTIVITES	EXIGENCES
B1		<p>On dispose du matériel suivant :</p> <ul style="list-style-type: none"> ☞ ordinateur + logiciel Anagène <p> Toute manipulation frauduleuse sur le PC, ou n'ayant aucun rapport avec le cours de SVT sera sanctionnée.</p>	Bien lire !
C3		<p>A/ Ouvrir le logiciel en double-cliquant sur l'icône correspondant.</p> <p>B/ Suivre l'arborescence suivante : Fichier/Thèmes d'études/Relations Génotype-Phénotype puis choisir Phénotype drépanocytaire dans l'encart de droite. Cliquer sur Ok.</p> <p>C/ Comparer les <u>séquences nucléiques</u> des hémoglobines HbA et HbS et les <u>séquences protéiques</u> des hémoglobines HbA et HbS :</p> <ul style="list-style-type: none"> - sélectionner les séquences d'ADN deux à deux ou les séquences protéiques deux à deux en cliquant sur le curseur à gauche de chaque séquence <p></p> <p>☞ <i>Les séquences sélectionnées apparaissent en surbrillance.</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - relever la (les) différence(s) : menu Traiter/Comparer les séquences/Comparaison simple. <p>☞ <i>Une fenêtre s'ouvre et les différences éventuelles apparaissent. Le signe « - » signifie que les séquences sont identiques à cet endroit.</i></p> <p>D/ Extraire les informations concernant la comparaison :</p> <ul style="list-style-type: none"> - cliquer sur le curseur  en face de la case Traitement. <p>☞ <i>Les trois lignes apparaissent en surbrillance.</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - cliquer ensuite sur la case  située dans la barre de menu. <p>☞ <i>Des informations relatives aux séquences nucléique ou protéique apparaissent dans une nouvelle fenêtre.</i></p>	<p>Travailler en suivant le protocole</p> <p>Traiter les séquences nucléiques ensemble et les séquences protéiques ensemble</p>