

## Méthode

## étape 1

## **Comprendre le mode de représentation d'une séquence d'ADN.**

ACCCTGAC TGGGACTG		ACCCTGAC
ADN double brin, avec séquences complémentaires	➡	Par commodité, on ne représente qu'un seul des deux brins.

## étape ②

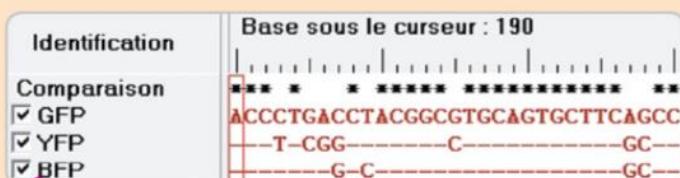
**Disposer les séquences pour pouvoir les comparer.**  
**La séquence qui sert de **référence** est placée sur la première ligne.**

GFP	TGACCACCCCTGACCTACGGCGTGCAGTGCTTCAGCCGCTAC
YFP	TGACCACCTCGGCTACGGCTGCACTGCTTCAGCCGCTAC
BFP	TGACCACCCCTGAGCCACGGCGTGCAGTGCTTCAGCCGCTAC

## étape 3

**Alignement manuel**: repérer les différences.  
Le repérage se fait par comparaison à chaque position.

190	200	210	220
ACCCCTGACCTACGGCGTGCAGTGCTTCAGCCGCTAC			
ACCTT <del>CGG</del> TACGGC <del>G</del> TGCAGTGCTTC <del>G</del> CCC <del>G</del> TAC			
ACCC <del>T</del> GAG <del>C</del> CACGGCGTGCAGTGCTTC <del>G</del> CCC <del>G</del> TAC			



**Alignment avec un logiciel.** Seuls les nucléotides différents sont indiqués. Les identités sont signalées par des tirets.

## étape ④

### Rélier les mutations identifiées aux caractères correspondants.

Les séquences des gènes YFP et BFP portent des substitutions de nucléotides entre les positions 193 et

218 par rapport à la séquence originelle du gène de la GFP. Ces mutations changent l'information génétique et entraînent une modification des protéines fluorescentes produites, qui de vertes deviennent jaunes ou bleues.

## Indicateurs de réussite

- ▶ Les séquences sont alignées en choisissant une séquence de référence (*a priori* celle qui est non-mutée, souvent appelée « sauvage »).
  - ▶ La position des différences est repérée (numéros des nucléotides) et la nature des différences est

précisée : par exemple une substitution, C remplacé par G en position 197.

- ▶ Les différences observées sur l'ADN sont mises en relation avec les variations de caractères à plus grande échelle.