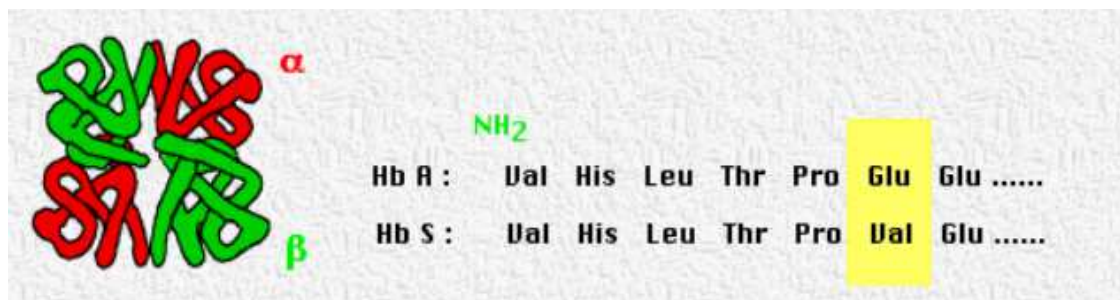


# TP ADN

L'hypothèse "**un gène une protéine**" a été confortée bien avant le développement des technologies de l'ADN recombinant. Ingram, vers 1957 a été l'un des premiers à établir la relation précise entre une mutation bien caractérisée ayant comme manifestation phénotypique une maladie héréditaire grave : l'anémie falciforme (ainsi nommée en raison de la forme des hématies des sujets homozygotes pour la tare) et une protéine spécifique : l'hémoglobine.

L'hémoglobine normale est de type A et composée de quatre motifs polypeptidiques : deux chaînes alpha et deux chaînes beta, l'hémoglobine S, des sujets atteints est également composée des quatre sous unités mais elle se distingue de la A par sa mobilité électrophorétique.

Par des méthodes d'analyse d'oligopeptides et de séquençage protéique que nous ne détaillerons pas, il fut montré que l'hémoglobine S diffère de la normale (A) par un seul acide aminé dans les chaînes  $\beta$  :



On ne note pas les connaissances de svt !

PYTHON :

Télécharger le fichier\_eleve.txt est crée la liste suivante

```
Brin_non_codant1=['ATCGTGCTGCTGCGGTGCGCGCGGCGGCGTGCGAAGAACGGCGGCGGCGGC  
GGCGGCGGCGGTGGTGGTGGTCTTCTTCTTCTTCTTCTCGTA']
```

1) Le brin complémentaire (**appeler le professeur**)

Ecrivez une fonction python retournant le brin complémentaire d'une séquence nucléique donnée en argument.

Brin non codant	C	G	T	A
brin complémentaire	G	C	A	T

2) La transcription (**appeler le professeur**)

Ecrivez une fonction python retournant le ARNm d'une séquence nucléique donnée en argument.

brin complémentaire/ codant	C	G	T	A
ARNm	G	C	A	U

### 3) La traduction (**appeler le professeur**)

Ecrivez une fonction python qui à partir d'une séquence nucléique retourne la séquence protéique correspondante. **Utiliser codon\_TP.**

### 4) Demander un professeur le second fichier

**(appel le professeur pour valider)**

Ecrivez une fonction python qui à partir d'une séquence protéique trouve la différence et la place de la mutation(changement)

### 6)\*\*Bonus

GCA: 22.47% GCC: 26.81% GCG: 33.03% GCT: 17.70%

GCA- GCA- GCA- GCA- GCT- GCT- GCC- GCC- GCG- GCA

Par exemple de calcul

Nbtot=10 ;nb (GCA) = 5 ; nb (GCT) = 2 ; nb (GCC) = 2 ; nb (GCG) =1

GCA:50%( 100\* nb (GCA)/ Nbtot

Ecrivez un programme python qui calcule la fréquence d'utilisation de chaque codon pour chaque acide aminé d'une liste de séquences nucléiques donnée en argument.

## Annexe

	U	C	A	G	
U	UUU } Phe	UCU } Ser	UAU } Tyr	UGU } Cys	U
	UUC }	UCC }	UAC }	UGC }	C
	UUA }	UCA }	UAA }	UGA }	A
	UUG }	UCG }	UAG }	UGG } Trp	G
C	CUU } Leu	CCU } Pro	CAU } His	CGU } Arg	U
	CUC }	CCC }	CAC }	CGC }	C
	CUA }	CCA }	CAA } Gln	CGA }	A
	CUG }	CCG }	CAG }	CGG }	G
A	AUU } Ile	ACU } Thr	AAU } Asn	AGU } Ser	U
	AUC }	ACC }	AAC }	AGC }	C
	AUA }	ACA }	AAA } Lys	AGA } Arg	A
	AUG } Met	ACG }	AAG }	AGG }	G
G	GUU } Val	GCU } Ala	GAU } Asp	GGU } Gly	U
	GUC }	GCC }	GAC }	GGC }	C
	GUA }	GCA }	GAA } Glu	GGA }	A
	GUG }	GCG }	GAG }	GGG }	G

<b>Ala</b>	A	GCU, GCC, GCA, GCG	<b>Leu</b>	L	UUA, UUG, CUU, CUC, CUA, CUG
<b>Arg</b>	R	CGU, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG	<b>Lys</b>	K	AAA, AAG
<b>Asn</b>	N	AAU, AAC	<b>Met</b>	M	AUG
<b>Asp</b>	D	GAU, GAC	<b>Phe</b>	F	UUU, UUC
<b>Cys</b>	C	UGU, UGC	<b>Pro</b>	P	CCU, CCC, CCA, CCG
<b>Gln</b>	Q	CAA, CAG	<b>Ser</b>	S	UCU, UCC, UCA, UCG, AGU, AGC
<b>Glu</b>	E	GAA, GAG	<b>Thr</b>	T	ACU, ACC, ACA, ACG
<b>Gly</b>	G	GGU, GGC, GGA, GGG	<b>Trp</b>	W	UGG
<b>His</b>	H	CAU, CAC	<b>Tyr</b>	Y	UAU, UAC
<b>Ile</b>	I	AUU, AUC, AUA	<b>Val</b>	V	GUU, GUC, GUA, GUG
<b>Start</b>		AUG	<b>Stop</b>		UAG, UGA, UAA