

## Point méthode – Comment traiter une séquence ?

Avant de vous précipiter sur vos questions du problème de biomol', prenez plusieurs minutes pour traiter votre séquence, cela vous fera en définitive gagner du temps.

Pour traiter votre séquence, nous vous conseillons d'utiliser des surligneurs afin de pouvoir vous repérer plus facilement.

Il s'agit de procéder par étapes :

1. **Repérez** laquelle de vos séquences est l'**ADNg (avec introns)** et laquelle est l'**ADNc (sans intron)** ;
2. **Repérez** sur vos deux séquences l'**ATG initiateur** et le **codon STOP** ;
3. **Recherchez** le **début** et la **fin** de la transcription sur votre séquence d'**ADNg** en la **comparant** à votre séquence d'**ADNc**, dont le début et la fin correspondent au début et à la fin de la transcription (ceci est la partie la plus longue pour traiter une séquence) ;

Pour trouver le début de la transcription, vous partez de votre ATG initiateur et vous remontez progressivement vers 5' dans votre séquence d'ADNg en la comparant au fur et à mesure avec votre ADNc jusqu'à ce que vous arriviez au +1 de la transcription.

Si entre temps les deux séquences ne correspondent plus c'est que vous êtes face à un intron.

Dans ce cas, cherchez où la similitude reprend et vous recommencez à remonter votre séquence en comparant.

L'exon en amont de cet intron que vous avez ainsi trouvé est un exon non codant (aucun de ses nucléotides ne code pour un acide aminé).

Vous procédez de la même manière pour trouver la fin de la transcription en partant du codon STOP et en progressant vers 3'.

4. **Numérotez** sur votre séquence d'**ADNg** vos **exons** et vos **introns** ;

**Remarque** – un intron commence toujours par un GT et se termine toujours par un AG.

5. **Numérotez** ensuite les **nucléotides du premier et dernier codon de chaque exon (1 pour le 1<sup>er</sup> nt, 2 pour le 2<sup>ème</sup> et 3 pour le 3<sup>ème</sup>)**. Normalement, en passant d'un exon au suivant vous avez toujours la suite 123123 qui est respectée (signe que le cadre de lecture est respecté). Cela vous permettra de voir rapidement si en cas de skipping d'un exon il y aura décalage ou non du cadre de lecture.

**Exemple** – Si vous obtenez la suite 1223 c'est qu'il y a décalage du cadre de lecture car la suite 123123 n'est plus respectée).

Une fois cela fait vous verrez que beaucoup de questions iront plus vite.