

- 1. Allez sur : <u>https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/geniegen2/</u>
- 2. Cliquez sur « Ouvrir la banque de séquences », ouvrez le pack « Sensibilité au PTC ».



- 3. Cliquez sur **Action** puis sur **Aligner les séquences**. Cherchez la ou les mutations (modification de nucléotide) ; elles apparaissent sous la forme de petits traits rouges.
 - 4. A l'aide l'outil capture, ou de la touche « ImprEcran », réalisez une capture d'écran montrant l'une de ces mutations.



Protocole pour LIBMOL

- 1. Dans votre navigateur, allez sur : <u>https://libmol.org/</u>
- 2. Double-Cliquez sur « Déposer une fichier ou cliquez ici pour charger ».
- 3. Dans Ordinateur \rightarrow Classes \rightarrow Classe Sx \rightarrow Travail \rightarrow SVT, ouvrez le fichier récepteur PAV.pdb
 - 4. Ouvrez une nouvelle fenêtre dans votre navigateur, puis répétez les opérations 1 à 3 pour ouvrir le fichier récepteur_AVI.pdb

Pour chaque récepteur PAV et AVI :

a. Dans l'Onglet **Commande**, cliquez sur le bouton *Colorer*NATURE

b. ... puis cliquez sur le bouton *Représenter* SPHERE

Vous observez d'une couleur le récepteur PTC (gris), et d'une autre couleur la molécule de PTC (jaune). Voir exemple ci-contre.

c. Réalisez une ou plusieurs copies d'écran montrant les différences entre les récepteurs PAV et AVI.

