

Pour identifier les mutations entre les différents allèles du phénotype lactase

- **Ouvrir** le logiciel Anagène (dans le dossier « logiciel SVT » « génétique » sur le bureau de votre ordinateur)
 - Avec Anagène, **ouvrir** le fichier « lactase _allèles » de la fiche d'activité en faisant « fichier/ouvrir ».
- Attention, vous devez au préalable enregistrer le fichier dans vos documents (cliquer droit / enregistrer sous)
- **Utiliser les fonctionnalités** d'Anagène pour identifier le nombre de nucléotides des différents allèles
 - **Placer** l'allèle de référence (allèle LNP dans ce cas) en haut du fichier : pour cela **sélectionner** l'allèle LNP à l'aide de la petite case située à côté de son nom (la case apparaît en blanc lorsque l'allèle est sélectionné) puis **déplacer** la séquence tout en haut (à l'aide des flèches) pour qu'elle serve de référence.
 - **Sélectionner** toutes les séquences à comparer : dans ce cas sélectionner les 4 séquences (elles doivent apparaître en blanc)
 - **Utiliser les fonctionnalités** d'Anagène pour comparer les 4 séquences en choisissant « **Alignement avec discontinuité** » (toujours faire ce choix quand on cherche des mutations).
 - **Identifier** précisément la position et la nature des mutations qui ont conduit à la formation des 3 allèles LP1, LP2 et LP3

Pour calculer les fréquences des allèles du phénotype lactase dans les 3 populations étudiées :

- **Fermer** toutes les séquences ouvertes
 - **Ouvrir** les séquences de l'une des 3 populations
- Attention, vous devez au préalable enregistrer les séquences dans vos documents (cliquer droit / enregistrer sous)
- **Comprendre** le contenu de ce fichier : vous avez les 4 allèles LNP, LP1, LP2 et LP3 et les allèles présents chez 10 individus de la population étudiée.
- Vérifier** que la fenêtre est suffisamment grande pour voir toutes les séquences sinon agrandir la fenêtre
- **Sélectionner** 1 des 4 allèles de référence et tous les allèles des 10 individus
 - **Comparer** les séquences sélectionnées et **compter** le nombre d'allèles de la population identique à l'allèle de référence
 - **Calculer** la fréquence de cet allèle dans la population
 - **Faire la même chose** avec les autres allèles de référence
 - **Répéter l'opération** pour les 2 autres populations

