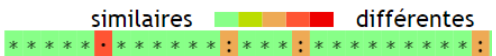
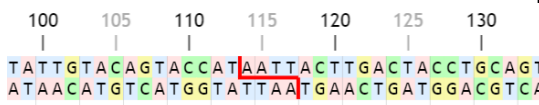


Traiter des séquences avec Geniegen2

Charger / ouvrir des séquences	Traiter des séquences
- Pour des séquences fournies sous la forme d'un fichier, « charger des séquences (.edi) » sur le panneau d'accueil ou dans le menu « Fichier » - Pour les séquences de la banque de Geniegen2, « Ouvrir la banque de séquences » : - Rechercher les séquences en saisissant des mots clés - « Charger ces séquences »	- Sélectionner les séquences à traiter en cochant la case située à gauche de leur nom - Choisir le traitement à effectuer dans le menu « Actions » : transcrire une séquence d'ADN en ARN, traduire une séquence d'ADN ou d'ARN en protéine, ou encore obtenir la séquence complémentaire d'une séquence d'ADN ou d'ARN ⇒ Pour ne traiter qu'une seule séquence, la supprimer ou la modifier, il est possible de le faire par un clic droit sur le nom de cette séquence.
Aligner des séquences	Se déplacer et se repérer au sein d'une séquence
- Sélectionner les séquences à aligner en cochant la case située à gauche de leur nom (remarque : on ne peut aligner que des séquences de même nature : nucléotides ou acides aminés). - Aligner les séquences sélectionnées dans le menu « Actions ». ⇒ Les séquences alignées sont affichées dans la moitié inférieure de l'écran ; les nucléotides ou acides aminés manquants sont représentés par des tirets. ⇒ L'alignement permet de prendre en compte d'éventuelles délétions ou insertions (discontinuités) qui sinon décaleraient les séquences lors de leur comparaison.	- Pour faire défiler rapidement les séquences, déplacer le <u>curseur mobile</u> situé sous les séquences (des marques colorées indiquent les zones similaires ou différentes).  - Pour un défilement plus précis et plus lent, faire défiler les séquences en bougeant la souris tout en maintenant le bouton gauche enfoncé. - Pour connaître précisément la <u>position</u> d'un nucléotide, d'un acide aminé, ou d'un codon, survoler la séquence à l'aide de la souris, sans cliquer. ⇒ Une règle graduée, située au-dessus des séquences, permet également de se repérer. Il est possible de changer le mode de numérotation (nucléotide, codon) via le menu « Options ».
Comparer des séquences	Action des enzymes de restriction
Une <u>ligne de comparaison</u> colorée met en évidence les positions où les nucléotides (ou les acides aminés) sont identiques (étoiles sur fond vert) ou différents (points sur fond orange ou rouge selon le degré de différence). similaires différentes  Ces couleurs se retrouvent également au niveau du <u>curseur mobile</u>, que vous pouvez déplacer à l'aide de la souris pour faire défiler les séquences sur toute leur étendue.  ⇒ Un mode adapté aux daltoniens est disponible dans les options.	- Sélectionner les séquences à traiter (uniquement des séquences d'ADN) - « Enzymes de restriction » dans le menu « Actions » - « Ouvrir la banque d'enzymes », rechercher les enzymes souhaitées et les sélectionner en cliquant sur leurs noms, puis sur « Fermer la banque » ⇒ Les enzymes choisies sont maintenant disponibles dans le menu déroulant intitulé « Choisir une enzyme » Séquences après action de l'enzyme : TspEI (ch choisir une enzy RsaI TspEI - Choisir une enzyme dans le menu déroulant ⇒ Le résultat de l'action enzymatique apparaît sous la forme de traits rouges matérialisant les <u>sites de coupure</u> de l'enzyme 

Afficher le tableau de comparaison	Afficher l'arbre matérialisant le degré de similarité (phénogramme)
- Une fois les séquences alignées, « Afficher le tableau de comparaison » du menu « Affichage » - Décocher « Similitudes » pour visualiser les différences, et décocher « en % » pour avoir des nombres plutôt que des pourcentages.	- Une fois les séquences (au moins 3) alignées, « Afficher le phénogramme » du menu « Affichage ».