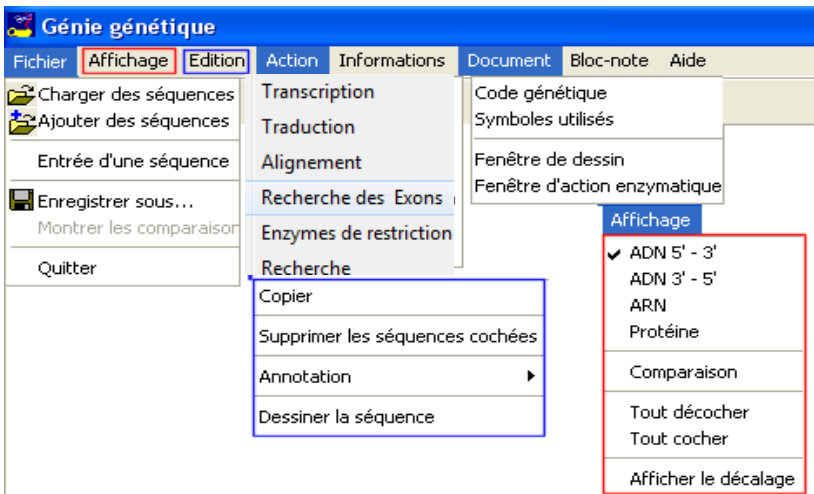
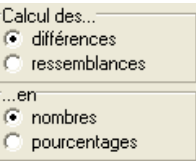
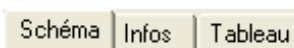


UTILISATION DU LOGICIEL GÉNIEGEN

Les menus	Numérotation des éléments d'une séquence	Ajouter une séquence
	<p>Base sous le curseur : 10</p> <p>La numérotation s'adapte automatiquement au type de séquence</p> <pre> 5' ATGGCCGTCATGGCGCC 5' ATAACCATGTATACTACC 5' ATGGCCGTCATGGCGCC </pre> <p>Sélectionner une séquence</p> <p> <input checked="" type="checkbox"/> C Cocher les séquences à sélectionner. <input checked="" type="checkbox"/> N Utiliser les flèches pour faire remonter ou descendre les séquences sélectionnées. <input checked="" type="checkbox"/> H </p> <p>Information sur les séquences</p> <p>« Informations » permet de d'avoir des informations sur les séquences (% de bases, longueur de la séquence)</p>	<p>« Fichier/Ajouter » pour ne pas perdre les séquences précédentes</p> <p>Rechercher les exons d'un ARNm</p> <p>Sélectionner ARN prémessager et ARNm deux à deux puis faire « Action/Recherche des exons »</p> <p>Traiter une séquence</p> <p>Menu « Action ». On peut aligner les séquences, les convertir (transcrire, traduire...), ou faire agir des enzymes de restriction. Seules les séquences sélectionnées sont traitées.</p>
Comparer des séquences		
<p>La comparaison des séquences ne peut se faire que sur des séquences de même nature. Les flèches haut-bas permettent de placer en haut la séquence de référence. S'il y a des discontinuités, le menu « Action/Alignement » permet d'éliminer les décalages résultant de mutations.</p>		
Comparaison simple	Reclasser les séquences traitées après un alignement	
<p>Avec « affichage / comparaison », aucun alignement n'est effectué.</p>	<p>Une fois les séquences alignées elles s'affichent dans le désordre. « Reclasser » permet de les replacer dans l'ordre d'affichage de la sélection.</p>	
Informations sur la ou les séquence(s) sélectionnée(s) après un alignement	Ligne de comparaison après un alignement	
 <p>Utiliser le menu « informations » qui donne accès à un tableau de comparaison. Les informations qui s'affichent ne concernent que les séquences cochées. On peut choisir d'afficher les ressemblances ou les différences et de les exprimer en nombre ou en pourcentage.</p>	<p>Identification</p> <p>Base sous le curseur : 1</p> <p>Comparaison</p> <pre> * * * * * * * * * * </pre> <p>Les étoiles signalent les positions où les éléments des séquences cochées sont identiques.</p>	
Action des enzymes de restriction		
<p>- Cliquer sur Menu « Action/Enzymes de restriction. »</p> <p>- Si nécessaire, Charger le fichier d'enzymes fourni par «Fichier/charger» sélectionner le type sequaid-anagène pour voir les fichiers .zym</p> <p>- Cocher toutes les cases de choix. (Ou Choisir les types d'enzymes demandées. Cliquer sur « OK »</p>	 <p>Les onglets permettent de choisir d'afficher :</p> <ul style="list-style-type: none"> - la carte de restriction (schéma) - des informations sur les fragments coupés - un tableau du nombre de coupure suivant la séquence et l'enzyme - La « Fenêtre d'action enzymatique » peut être réaffichée si besoin par le menu « documents ». 	<p>Enzyme : <input type="text" value="Alu I"/> Séquence : <input type="text" value="G6PDB"/></p> <p>Les boîtes à onglets permettent de choisir la séquence et l'enzyme.</p> <p>La touche <Tab> permet de passer d'un site de coupure au suivant dans la séquence.</p>
<p>ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours celle qui est placée en premier.</p>		