

Traiter des séquences avec le logiciel Geniegen2

Charger / ouvrir des séquences	Traiter des séquences
- Si les séquences sont fournies sous la forme d'un fichier, cliquer sur « charger des séquences (.edi) » sur le panneau d'accueil ou dans le menu « Fichier » - Si les séquences font partie de la banque de Geniegen2 : - o Cliquer sur « Ouvrir la banque de séquences » - o Rechercher les séquences en saisissant des mots clés - o Cliquer sur le nom des séquences ou packs de séquences souhaitées - o Cliquer sur « 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 » : il est possible de transcrire une séquence d'ADN en ARN, de traduire une séquence d'ADN ou d'ARN en protéine, ou encore d'obtenir la séquence complémentaire d'une séquence d'ADN ou d'ARN <i>Dans le cas où l'on souhaite ne traiter qu'une seule séquence, il est possible de le faire par un clic droit sur le nom de cette séquence. Il est également possible de supprimer des séquences en procédant ainsi.</i>
Aligner des séquences	Se déplacer et se repérer au sein d'une séquence
- Si nécessaire, 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) - Cliquer sur « 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. <i>L'alignement permet de prendre en compte d'éventuelles délétions ou insertions (discontinuités) qui sinon décaleraient les séquences lors de leur comparaison.</i>	- Pour faire défiler rapidement les séquences, déplacer le curseur mobile situé sous les séquences (des marques colorées indiquent les zones similaires ou différentes)  - Pour un défilement plus précis et plus lent, cliquer directement sur les séquences et les faire défiler 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 <i>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 »</i>
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.  <i>Remarque : un mode adapté aux daltoniens est disponible dans les options</i>	- Sélectionner les séquences à traiter (uniquement des séquences d'ADN) en cochant la case située à gauche de leur nom - Cliquer sur « Enzymes de restriction » dans le menu « Actions » ⇒ Les séquences sélectionnées apparaissent alors la moitié inférieure de l'écran, ainsi que leurs séquences complémentaires (double brin d'ADN) - Cliquer sur « 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 » - Choisir une enzyme dans le menu déroulant Séquences après action de l'enzyme : TspEI (choisir une enzyme) RsaI TspEI ⇒ 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	
- Une fois les séquences alignées, cliquer sur « Afficher le tableau de comparaison » dans le menu « Affichage » - Si nécessaire, décocher « Similitudes » pour visualiser les différences, et décocher « en % » pour avoir des nombres plutôt que des pourcentages	
Afficher l'arbre matérialisant le degré de similarité (phénogramme)	
- Une fois les séquences (au moins 3) alignées, cliquer sur « Afficher le phénogramme » dans le menu « Affichage »	