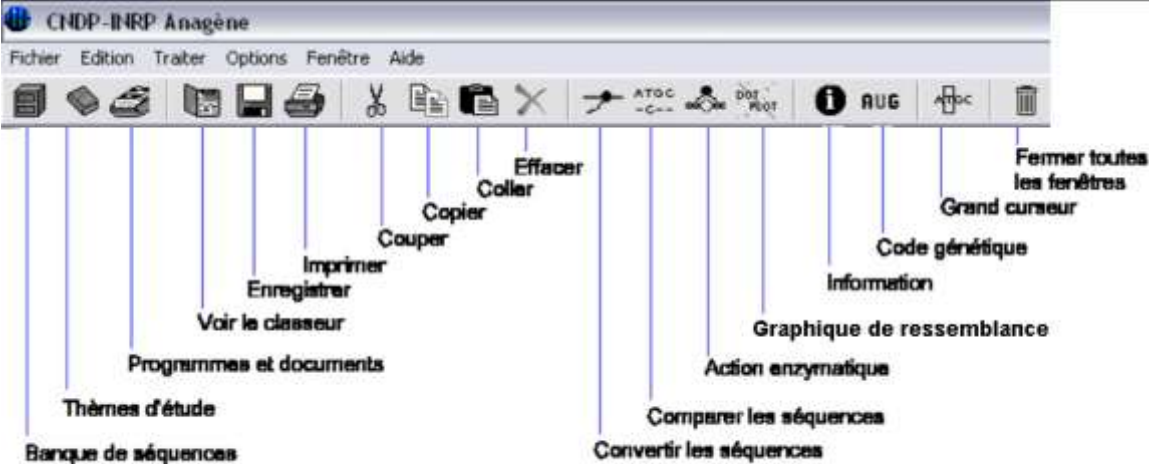

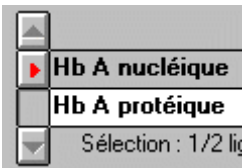



UTILISATION DES ENZYMES DE RESTRICTION AVEC ANAGENE 2

Les icônes de la barre d'outils		Numérotation des éléments d'une séquence	
		 <p style="text-align: center;">Echelle de repérage des nucléotides Cliquer sur l'échelle pour passer de l'échelle des nucléotides à celle des acides aminés</p>	
		Utiliser le curseur	
		<p>Surligner pour sélectionner la partie de la séquence choisie. Cliquer sur l'icône « grand curseur ».</p>	
		Bulles d'aide	
		<p>Pour vous aider, une bulle d'aide s'affiche sur l'objet pointé par le curseur de la souris</p>	
Sélectionner une séquence		Traiter par action enzymatique	
	<p>Cliquer sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut sélectionner plusieurs séquences. La <u>flèche rouge</u> indique la ligne pointée sur laquelle il est possible d'obtenir des informations ou qu'il est possible de déplacer à l'aide des flèches grises haut-bas. Les <u>flèches grises</u> en haut et en bas permettent de déplacer la séquence sélectionnée et ainsi de choisir la séquence de référence (première de la liste).</p>		<p>Sélectionner au préalable les séquences d'ADN. « Traiter / Action enzymatique » puis sélectionner les enzymes dans la banque ou par « Fichier ».</p> <p>Choisir le type de représentation : graphique pour obtenir la carte des sites de restriction et/ou tableau du nombre de sites.</p> <p>Cliquer sur « OK ».</p>
Représenter graphiquement des sites de restriction		Mode d'affichage de la carte de restriction	
<p>La représentation graphique affiche la carte de restriction. La représentation tableau affiche le nombre de sites de restriction pour plusieurs enzymes. La première s'affiche en général en masquant la seconde : décaler la fenêtre pour voir les 2.</p>		<p>Les sites de restriction s'affichent en rouge. Pour observer le mode de coupure de l'enzyme, faire glisser le curseur vert sur le trait rouge matérialisant la localisation du site de restriction.</p>	
Comparer les séquences			
<p>La séquence référence est toujours celle qui est placée en premier :</p> <ul style="list-style-type: none"> - la « comparaison par alignement » permet de comparer avec discontinuités, en éliminant les décalages résultant de délétion(s) ou d'insertion(s) - la « comparaison simple » compare point par point des séquences à partir du début de la séquence. 		<p>Attention : les fenêtres ouvertes sont parfois masquées car empilées les unes sur les autres. Utiliser le menu « Fenêtre/Mosaïque ».</p>	