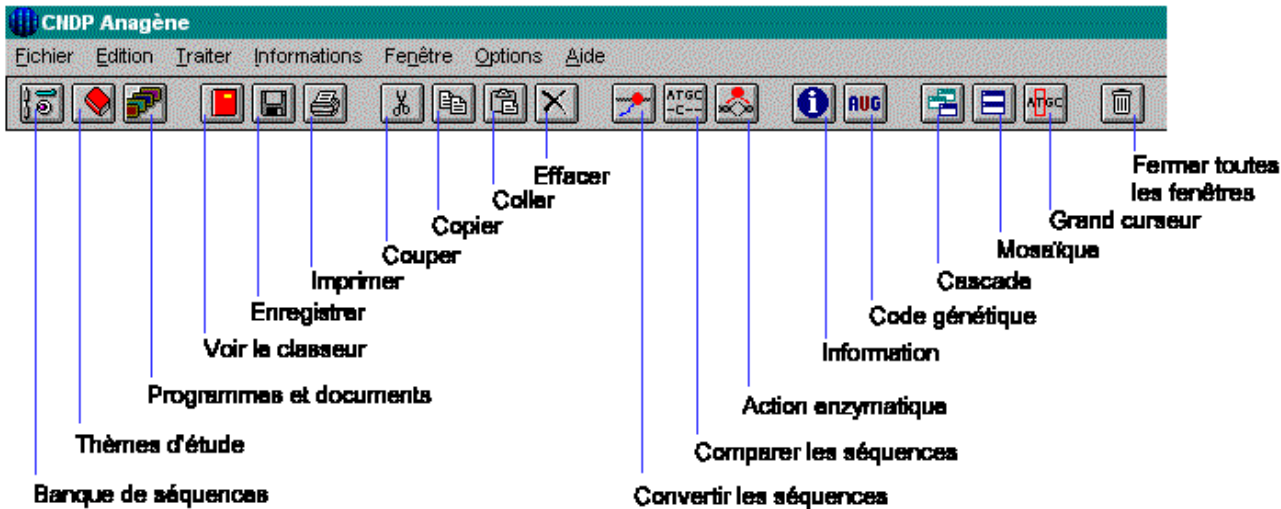


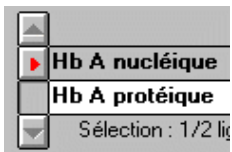


## UTILISATION DES ENZYMES DE RESTRICTION AVEC ANAGENE Version 1

Les icônes de la barre d'outils		Numérotation d'une séquence
		 <p>Échelle de repérage des nucléotides  <b>Cliquer</b> sur l'échelle pour passer de l'échelle des nucléotides à celle des acides aminés</p>
		Utiliser le curseur
		<p><b>Surligner</b> pour sélectionner la partie de la séquence choisie. <b>Cliquer</b> sur l'icône «grand curseur».</p>
		Bulles d'aide
		<p>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><b>Cliquer</b> sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut <b>sélectionner</b> plusieurs séquences. La flèche rouge indique la ligne pointée, sur laquelle il est possible d'obtenir des informations et que l'on peut <b>déplacer</b> à l'aide des flèches grises, haut - bas.</p>	<p><b>Sélectionner</b> au préalable les séquences d'ADN. «<b>Traiter / Action enzymatique</b>» puis <b>sélectionner</b> les enzymes dans la banque ou par «Fichier». <b>Choisir</b> le type de représentation : graphique pour obtenir la carte des sites de restriction et/ou tableau du nombre de sites.</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 : <b>décaler</b> la fenêtre pour voir les 2.</p>		<p>Les sites de restriction s'affichent en rouge.                  Pour <b>observer</b> le mode de coupure de l'enzyme, <b>faire glisser</b> 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"> <li>- la « comparaison par alignement » permet de <b>comparer</b> avec discontinuités, en éliminant les décalages résultant de délétion(s) ou d'insertion(s)</li> <li>- la « comparaison simple » compare point par point des séquences à partir du début de la séquence.</li> </ul>		<p><i>Attention : les fenêtres ouvertes sont parfois masquées car empilées les unes sur les autres. <b>Utiliser</b> le menu «Fenêtre / Mosaïque».</i></p>