

Protocole de TP

Visualisation et comparaison sur Anagène

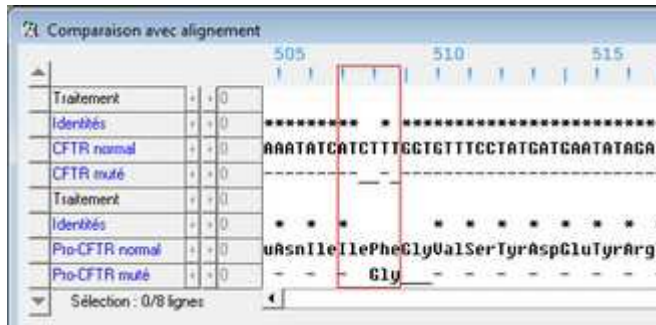
► Fiches techniques :

- Visualiser des séquences moléculaires avec Anagène 2 : ([doc](#), [odt](#), [pdf](#)).
- Comparer des données avec Anagène 1: ([doc](#), [odt](#), [pdf](#)).
- Comparer des données avec Anagène 2 : ([doc](#), [odt](#), [pdf](#)).

1. Ouvrir le fichier CFTR.edi.
2. Comparer la séquence de l'allèle normal et avec celle des allèles mutés en utilisant la comparaison avec discontinuité.
3. Utiliser le curseur pour localiser les mutations.

► Suites possibles :

Il est possible de comparer directement les séquences des protéines CFTR « normal » et « muté » présentes dans le fichier .edi, mais le logiciel traite les séquences de façon étonnante : au lieu de détecter uniquement le Phe508 manquant, il interprète ceci comme un Phe508 substitué en Gly et un Gly manquant :



En enlevant les séquences protéiques du fichier, il est possible de faire la conversion à partir des allèles avec la fonction « convertir en séquences peptidiques ».

Dans ce cas, il s'agit de comparer les 2 séquences protéiques directement, puisque le logiciel ne permet pas de traiter une seconde fois des séquences.