

➔ À votre tour

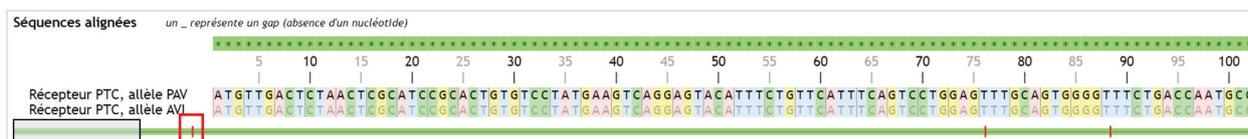
Comparaison des séquences des allèles PAV normal et AVI muté du gène du récepteur PTC

- Ouvrir *GenieGen 2*.
- Ouvrir des séquences de la banque de données :
 - choisir « Ouvrir la banque de séquences » ;
 - saisir « PTC » comme mot-clé ;
 - sélectionner le pack en cliquant sur son nom.

Type	Nom pack ou séquence (organisme)
PACK	☯ Sensibilité au PTC

Charger les séquences.

- Sélectionner les deux séquences puis, dans le menu *Actions*, aligner les séquences.



Un **trait rouge** indique une **différence** entre les séquences alignées.

Les deux séquences présentent **trois nucléotides différents**.

- Afficher un tableau de comparaison à l'aide du menu *Affichage*.

Pour faire apparaître le nombre de nucléotides identiques et différents, décocher la case « en % ». Seule la case « identités » doit être cochée.

Tableau de comparaison		
<input type="checkbox"/> en %	<input checked="" type="checkbox"/> identités	<input type="checkbox"/> noms complets
Matrice d'identité : (nombre d'identités)		
	(1)	(2)
Récepteur PTC, allèle PAV (1)	1002	999
Récepteur PTC, allèle AVI (2)	999	1002
Identité globale : 99,7 %		

Nombre total de **nucléotides** de la séquence (2).

Nombre de **nucléotides identiques** entre la séquence (1) et la séquence (2).

- Réponse à la question

Les allèles PAV normal et AVI muté du gène du récepteur PTC ont tous les deux 1 002 nucléotides. Ils ont **999 nucléotides identiques** et **3 nucléotides différents**.