

## Méthode

### étape 1

#### Ouvrir et afficher les séquences.

- Cliquer sur *Fichier/Ajouter des séquences* et sélectionner les séquences voulues.

### étape 2

#### Sélectionner les séquences à traiter / déplacer des séquences.

- Cocher sur le côté gauche les séquences que l'on souhaite traiter. Il est possible de choisir la séquence de référence (le plus souvent, la séquence saine/sauvage), notamment quand plusieurs séquences sont comparées. Par convention, c'est la première de la liste.
- Pour déplacer une séquence, il faut la cocher, puis la déplacer avec les flèches situées à gauche.

### étape 3

#### Comparer des séquences.

##### CAS N°1 : comparaison sans alignement

Dans ce cas, la comparaison s'effectue deux à deux du premier au dernier nucléotide.

- Cliquer sur *Affichage/Comparaison*.

##### CAS N°2 : comparaison avec alignement

Dans ce cas, les séquences sont alignées de manière à faire correspondre les portions identiques et permet ainsi d'éviter les décalages liés à d'éventuelles mutations.

- Cliquer sur *Action/Alignement*.

The screenshot shows a window titled 'Séquences' with a list of sequences on the left: 'Acod', 'Bcod', and 'Ocod'. The 'Acod' sequence is selected. The main area displays the DNA sequence for 'Acod' starting with 'GGCGTGGAGATCCTGACTCCGCTGTTCCGGCACCCTGCACCCCGGCTTCTACGGAGCAGCCGGGAGGCCCTTACCTACGAGGCCGCCCGCCAGTCCAGGGCTACATCCCAGGGAGGGGGGATTTCCTACTCGGGGGGT'. Below it, the 'Bcod' and 'Ocod' sequences are shown with gaps indicating deletions or insertions. The 'Comparaison' option is selected in the menu.

### étape 4

#### Comprendre les symboles.

L'absence d'étoile indique que les séquences comparées ne sont pas identiques.  
Le tiret bas indique que la séquence ne possède pas ce nucléotide (délétion).  
Le trait d'union indique que la séquence est identique à celle de référence.

The screenshot shows two DNA sequences being compared. The first sequence is 'GGCGTGGAGATCCTGACTCCGCTGTTCCGGCACCCTGCACCCCGGCTTCTACGGAGCAGCCGGGAGGCCCTTACCT' and the second is 'TCGTTCCAAGGATGGTCTACCCCCAGCCAAAGGTGCTGACCCGGGAGGATGCTCTGCTGACCCCTTGGC'. The first sequence has a blue box around a 'C' and a red box around a 'G'. The second sequence has a blue box around a 'G' and a red box around a 'C'. A blue arrow points from the text above to the red boxes.

## Indicateurs de réussite

- Les deux séquences d'ADN avec la fonctionnalité de comparaison avec ou sans alignement du logiciel sont comparées.
- Les similitudes et les différences entre les séquences comparées sont identifiées.