

# Tutoriel SnapGene Viewer

Logiciel à installer sur son ordinateur pour travailler sur des séquences  
ADN / ARN / PROTEIQUES

Les captures d'écrans et les liens sont testés et validés au 26/01/2020

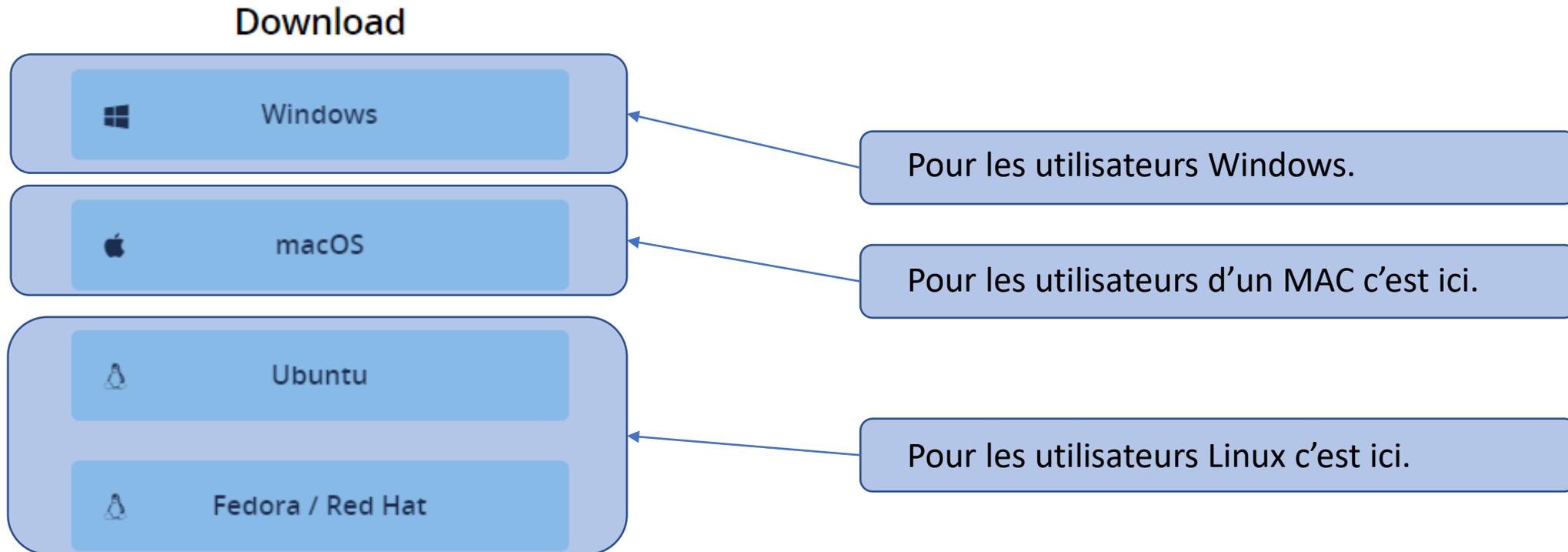
Si ces liens devaient ne plus fonctionner à l'avenir, merci de contacter [jean-pascal.dufour@ac-creteil.fr](mailto:jean-pascal.dufour@ac-creteil.fr)

# Présentation du logiciel

- Logiciel gratuit destiné à l'observation et à l'étude de séquences génétiques et protéiques **ACTUALISE TRES SOUVENT !**
- Cette version gratuite est hélas limitée dans ces fonctionnalités 😞
- Possibilité d'importer des séquences « commerciales » ou publiques facilement
- La mise en forme et les graphismes sont plus actuels (beaucoup plus beaux qu'avec Serial Cloner).
- Sa liste de séquences « connues » est actualisée, ce qui lui offre une bien meilleure efficacité pour l'annotation automatique de séquences (de plus il autorise une reconnaissance de séquences connues avec une identité inférieure à 100%).
- Offre un outil plus graphique pour la conception des amorces PCR (mais n'apporte presque aucune aide).

# Installation du logiciel :

- Se rendre sur la page : [http://www.snapgene.com/products/snapgene\\_viewer/](http://www.snapgene.com/products/snapgene_viewer/)



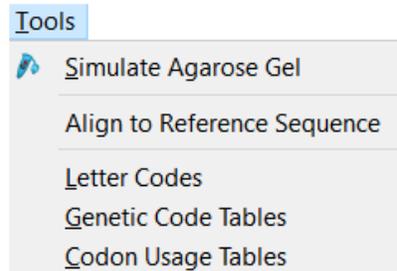
- L'outil est moderne et son installation automatique 😊

# Lancement du logiciel :

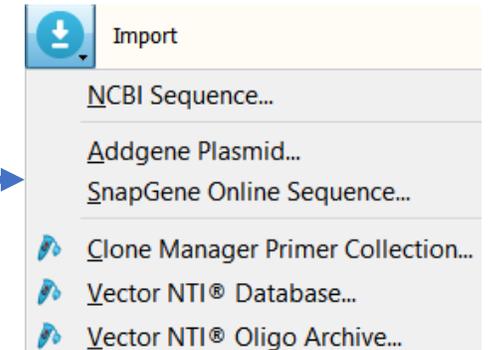
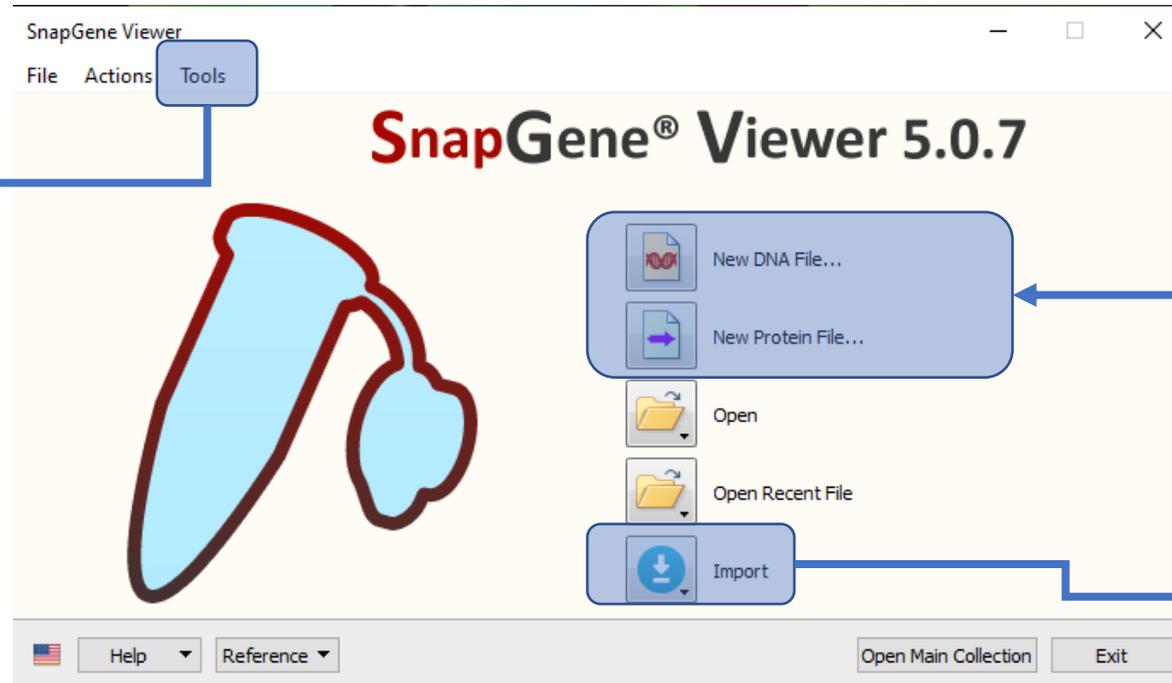
- Il vous suffira de cliquer sur l'icone de SnapGene Viewer :



Pour créer ex nihilo des séquences.  
Ou pour rentrer par copier coller une  
séquence de travail.



Vous pouvez choisir votre  
Code génétique et votre  
organisme hôte



Vous pouvez trouver  
rapidement un plasmide via la  
collection Addgene Plasmid  
(très utile pour les élèves)

# Partons sur une New DNA FILE :

- En cliquant sur New DNA FILE vous obtenez cette boite de dialogue :

New DNA File

Create the following sequence:

Reverse complement

Create a sequence of 1000 N's

Create a placeholder file with no sequence

Topology:  
 Linear  Circular

File Name: Untitled 2.dna

Please enter a plain or formatted DNA sequence.

OK Cancel

C'est ici que vous pouvez entrer ou coller la séquence de travail. Juste en dessous vous avez la possibilité de lui demander la séquence REVERSE COMPLEMENT. ATTENTION le logiciel attend toujours du 5' → 3' donc le **Reverse Complement** de 5' ATCG 3' sera affiché 5' CGAT 3' 😊

Séquence linéaire ou circulaire ?

# Partons sur une New DNA FILE :

```
agcgccaatacgcacccgctctcccgcgcttggccgattcattaatgagctggcagcagggttccgactggaagcgggcagtgagcgcaacgcaataatgtgagttagctcactcattaggcaccggcgttacactttatgcttccgctgctgtatgtgtggaattgtgagcggataacaatttcacacaggaacagctatgacatgattacgccaactagctccgagcctcagatctatcgatgcatgcatgacctgggagctcgaattcgaagcttcgaga  
cgctcgcagctcatatggatccgatatcgcctggcggcctctagaactagtgatcgatcccaattcgccttatagtgatgcttatacaatctactggcctgctttacaactgctgactgggaaacccctggcttaccacactaat  
cgcttgcagcacatcccccttccgacgtggcgaatagcgaagaggcccgaccgatcgccttcccaacagtgcgcagcctgaatggcgaatggcctgtagcggtatttcccttacgcatctgtcggtatttcacaccgcatac  
tcaaaccaaccatagatcgcgccctgtagcggccttaagcggcgggtgggtttagcgcgagctgaccgctacacttggcagccttagcggcctcttctgcttctccctcctttctcggccagcttcggcgttccccgct  
aagctcaaatcggggtggccatcgccctgtagacggttttcccttgcagcttggagtcacgttcttaaatggactctgttccaactggaacaacactcaactctatctgggctattcttggattataagggatttggcgtatt  
cggctctattggttaaaaaatgagctgatttaaaaaaattaacgcaatttaacaaatattaacgtttacaatttatggctgactctgactacaatctgctgtagcggcatagtaagccagccccgacaccgccaacaccgctgacg  
cgccctgacgggctgtctctcccggatccgcttacagacaagctgtgaccgttccgggagctgcatgctcagaggttttcacgctcatcaccgaaacgcgcgagacgaaagggcctgtagacgctattttataggttaatgctatg  
gggggggggggaaagccacgttgtctcaaaatctctgattacattgcaacagataaaaaatatacatcatgaacaataaaactgtcttacaataacagtaatacaaggggtttagagccatattcaacgggaaacgctgagg  
ccgcatataatccaacatggatgctgattatagggataaaatgggctcgcaataatgctgggcaatcaggtgcaacaatctatcgtttagtgggaagccgagatgctgcaagcttctgaacatggcaaggttagcgttccaatg  
atgttacagatgagatggctcagactaaactgacggaattatgctcttccgaccatcaagcatttatcgtactctgtagatgcatggttactcaccactgcatccccggaaaaacagcattccaggattagaagaatactgtag  
tcagggtaaaaatgtttagctgctggcagtgcttctcggcgttgcatcgaatctctgttgaatgttgcctttaaaccgacgctgatttctgctcagggcgaatcacgaatgaa taacggttgggttagcagtgatttga  
cgagctaatggctgctgctgcaacaagtggaaagaaatgcataaactttgcatctcaccggatcagctgctcactatgggtatttctcactgataacctattttgacgaggggaaataatagggttagttagtggagcagtc  
ggaatcgacagccgataccaggatctgcatcctatggaactgctcggtgagtttctcttctgatacatgcatcagaaaagggcttttcaaaaataggtatgataaactctgatagaataaactgagtttctttagctcga  
agtttttcaatcagaattggtaattgggttaactgggttaacactggcagagcattacgtgacttgcgggacggcgaagctcagcaaaaatcccttaacgtgagtttctgctcactgagcctcagaccctagaaaaagatacaaggatctct  
gagatctttttctgctgtaactctgctgctgcaaaaaaaaaccacgctcaccaggggttggtttggccggaatcaagagctaccaacttttccgaagtaactggcttcagcagagcgcagataccaataactgttctctagtg  
agccgtagttaggccaccactcaagaactctgtagcaccgctacatacctgctgcttaactctgttaccagtgctgctcagatggcgataagctgcttaccgggtggactcaagacgtagtaccggataagggcagcggctg  
ggctgaacggggggtctgacacagccagcttggagcgaacgctacaccgaaactgagatacctacagctgagctatgaaaagccacgcttccgaaaggggaaagggcggacaggtatccgtaagcggcagggctggaac  
aggagagcagcagggagcttcaggggaaacgctggtatctttagctctcgggttcccaactgactgagcgtcgaatttggtagctgctcagggggggggagcctatggaaaaaacggcagcaacggcctttttacg  
ttcctggcctttgctggcctttgctcactgttcttctgcttattccctgattctgtaggataaccgtataccgctttagtgagctgataaccgctcggcagccgaaacgaccgagcagcagctgagtgagcaggaagcgggaag
```



- Copier / Coller la séquence ci-dessus dans la fenêtre
- Bien sélectionner un ADN **Circular**
- Bien cocher la case **Detect common features**

OK POUR CONTINUER

C'est cette fonction qui active l'annotation automatique de SnapGene, et pour le coup, elle est efficace 😊

# Quand la magie opère :

- SnapGene ouvre alors une seconde fenêtre : il vient d'activer la détection des **Features** (fonctionnalités) supposées qui sont dans notre séquence : il y en a plusieurs, la capture ci-dessous montre les dernières détections (en bas de la fenêtre)

Detect Common Features

Add detected features to Sequence\_test.dna:

Add	Feature	Location	Size	Type	Match
<input checked="" type="checkbox"/>	/gene	= lacZ fragment			
	/product	= LacZa fragment of β-galactosidase			
	/translation	= MTMITPLVRGLEIYRCMPWYPGARIRSFRRVDVIWIRYRRGGRS RTSGSIPNSPYSESYYNSLAVVLQRRDWENPGVTQLNRLAAHPPF ASWRNSEEARTDRPSQQLRSLNGEWRLMRYFLLTHLCGISHRIRQ SNHSTRPVAAH*			
		146 amino acids = 17,2 kDa			
<input checked="" type="checkbox"/>	<b>SK primer</b>	351 .. 367	17 bp	→ primer_bind	100.0%
	/note	= common sequencing primer, one of multiple similar variants			
<input checked="" type="checkbox"/>	<b>T7 promoter</b>	382 .. 400	19 bp	← promoter	100.0%
	/note	= promoter for bacteriophage T7 RNA polymerase			
<input checked="" type="checkbox"/>	<b>M13 fwd</b>	407 .. 423	17 bp	← primer_bind	100.0%
	/note	= common sequencing primer, one of multiple similar variants			
<input checked="" type="checkbox"/>	<b>ori</b>	2332 .. 2920	589 bp	→ rep_origin	99.8%
	/direction	= RIGHT			
	/note	= high-copy-number ColE1/pMB1/pBR322/pUC origin of replication			

Full descriptions

Exemple de détection d'un CDS connue

Exemples de 3 séquences détectées avec leur fonctions dont une séquence recommandée comme choix de primer 😊  
Elles sont 100% identiques sur ma séquence à ce que le logiciel a dans sa base de données.

Exemples d'une séquence 99,8% identique à ce que le logiciel a dans sa base.

**Add Features** pour CONTINUER (**Cancel**, va créer la séquence sans les annotations).

# Le premier résultat graphique (avec couleurs) :

Choix de ce que l'on souhaite ou pas afficher et comment l'afficher

Différents onglets avec la carte graphique et la séquence, mais aussi la liste des sites de restriction, les annotations, et les primers si il y en a

The screenshot displays the SnapGene Viewer interface for a circular DNA sequence of 3101 bp. The main window shows a circular map with various restriction sites and features. The sites are color-coded and labeled with their names and positions. Key features include the CAP binding site, lac operator, and several primers (M13 rev, SK primer, T7 promoter). The interface includes a menu bar (File, Edit, View, Enzymes, Features, Primers, Actions, Tools, Window, Help), a toolbar with icons for New, Open, Save, Print, Undo, Redo, Cut, Copy, and Paste, and a bottom panel with tabs for Map, Sequence, Enzymes, Features, Primers, and History. The Enzymes tab is currently selected, showing a list of 6+ unique cutters. The circular map is annotated with numerous restriction sites and features, including CAP binding site, lac operator, and various primers.

En fonction de l'onglet que vous affichez, les options sur le côté gauche ne seront pas identiques (En affichage Map par exemple, si vous voulez afficher les ORF's vous n'aurez que des arcs de cercles (pas la traduction) car pas la place 😊)

# Jouons avec les options d'affichage en mode Map :

Afficher les sites de restrictions (avec enzymes)  
N'est pas sur fond gris foncé donc désactivée

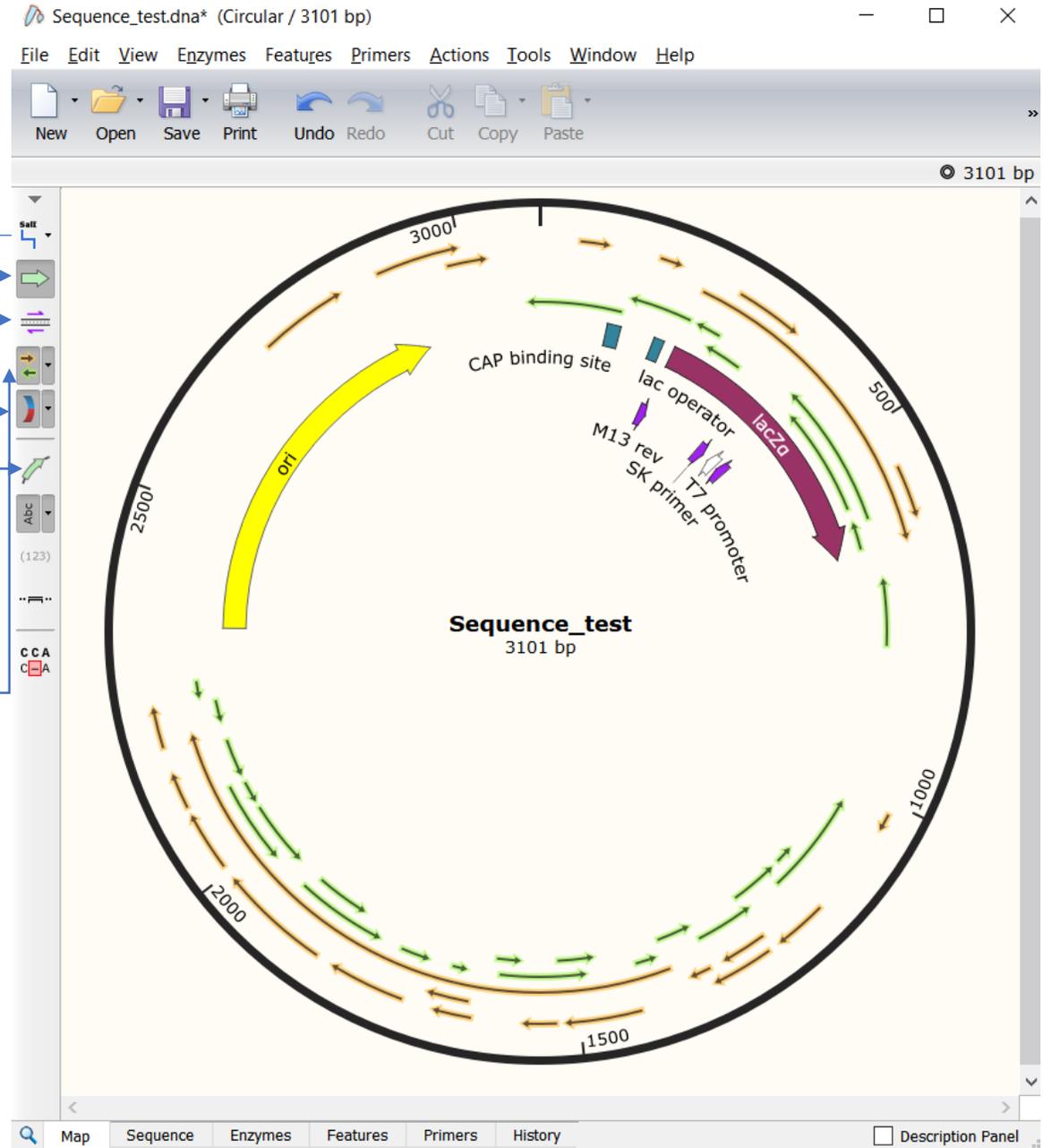
Afficher les annotations (Features)  
Est sur fond gris foncé donc activée

Afficher les primers (il n'y en a pas encore)  
N'est pas sur fond gris foncé donc désactivée

Afficher les ORF's (attention ici j'ai réglé l'ORF sur 10 aa min)  
Est sur fond gris foncé donc activée

Afficher les couleurs de l'ADN (tout noir par défaut)  
Est sur fond gris foncé donc activée

Positionner les annotation sur la ligne d'ADN  
N'est pas sur fond gris foncé donc désactivée



# Jouons avec les options d'affichage en mode **Sequence** :

Mini Map de votre séquence en version linéaire

The screenshot shows the SnapGene Viewer interface for a circular DNA sequence of 3101 bp. The main window displays the sequence in compact mode. The top menu bar includes File, Edit, View, Enzymes, Features, Primers, Actions, Tools, Window, and Help. Below the menu is a toolbar with icons for New, Open, Save, Print, Undo, Redo, Cut, Copy, and Paste. The sequence is shown in 5' to 3' orientation. The top strand is: `5' agcgccaatacgc... tcccgactggaagcgggcagtgagcgcaa`. The bottom strand is: `3' tcgcggttatg... tcaactcgcctattgta`. The sequence is annotated with several features: a CAP binding site (blue bar), a lac operator (blue bar), and a lacZa gene (purple bar). The amino acid translations are shown below the sequence. The top translation is: `Met Gln Leu Ala Arg Gln Val Ser Arg Leu Glu Ser Gly Gln`. The middle translation is: `Leu Ala Trp Tyr Ala Phe Arg Arg Glu Gly Arg Thr Pro Arg Asn Met Leu Ala Ala Pro Val Val Pro Lys Gly Val Pro Phe Arg Ala Thr Leu Ala Val`. The bottom translation is: `Cys Asn Ile His Thr Leu Glu Ser Met`. The bottom-most translation is: `Lys Val Cys Ser Val Ala Ile Val Met`. The interface also shows a Mini Map at the top right, a vertical toolbar on the left with options for salt, AC0TB, BTECA, CATAG, Asn, Arg, Ala, and CCA, and a status bar at the bottom with tabs for Map, Sequence, Enzymes, Features, Primers, and History.

Afficher ou non la Mini Map

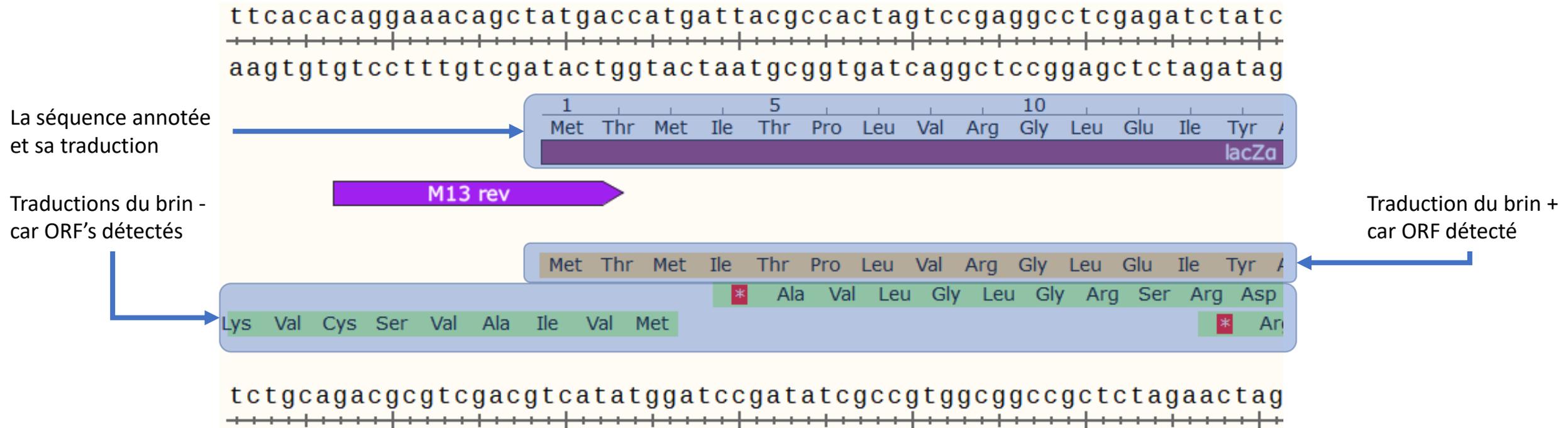
Mode compacte

AA à 1 ou 3 lettres

Largeur d'une ligne en bases

La traduction des ORF's et leur sens

# Concentrons nous un instant sur le début de la séquence lacZa :



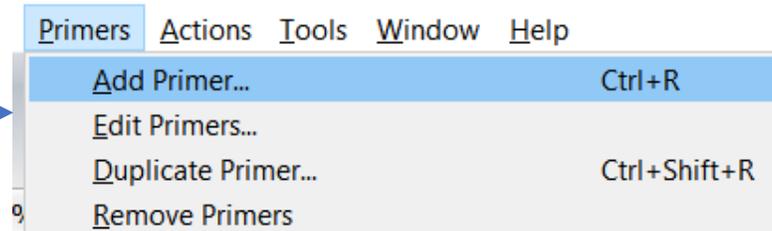
Il est possible de sélectionner ou la partie séquence ADN, ou une séquence PROTEIQUE pour la copier et la coller par la suite dans un autre outil (pour déterminer une structure 3D ou réaliser un BLAST par exemple 😊 ....)

# Ajoutons des amorces pour PCR :

- Pour l'entraînement, envisageons donc d'amplifier la totalité du gène lacZa. Et rien que lui, ce qui rend inutiles les propositions d'amorces annotées automatiquement (qui ne sont d'ailleurs que des annotations, et donc pas considérées comme amorces par le logiciel).
- L'outil offre un aide relative à la génération des amorces, il va calculer le Tm, et il dispose d'une fonction automatique pour créer l'amorce FORWARD et l'amorce REVERSE.
- Positionner le curseur en début de séquence, et tout en restant appuyer sur le bouton gauche, étendre la sélection vers la droite, le nombre de base et le Tm s'affiche en temps réel.

The screenshot shows a DNA sequence in SnapGene Viewer. The top strand is 5' to 3' and the bottom strand is 3' to 5'. A blue selection box highlights the first 22 bases of the top strand. A purple box above the selection displays "219 .. 240 = 22 bp" and "Tm = 56-57°C". Below the sequence, a protein translation is shown with amino acid names: Met, Thr, Met, Ile, Thr, Pro, Leu, Val, Arg, Gly, Leu, Glu, Ile, Tyr, Arg, Cys. A purple arrow points to the start of the sequence.

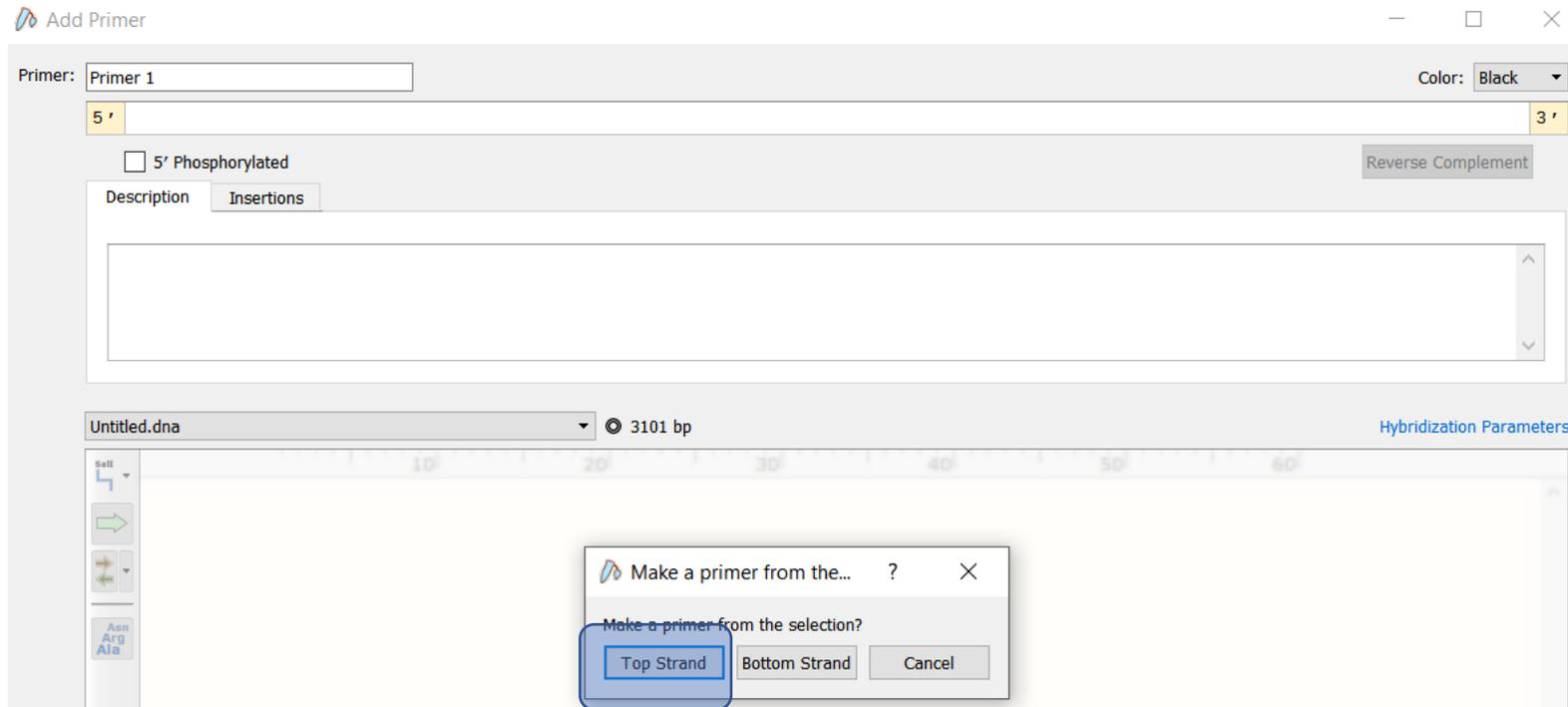
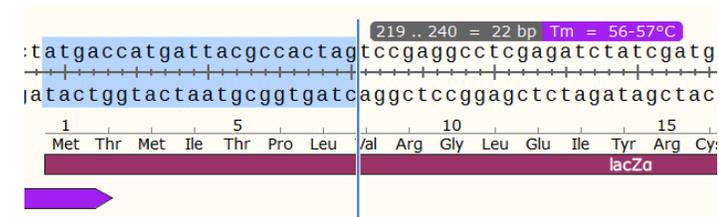
- Aller en suite dans le menu **Primers, Add Primer**



**OU SIMPLEMENT :**  
Touche CTRL et Touche R  
Car parfois le menu ne  
fonctionne pas

# Ajoutons des amorces pour PCR :

- La fenêtre de création d'amorce s'ouvre et vous demande si vous souhaitez faire une amorce en exploitant le brin du haut ou du bas, soit le Forward ou le Reverse.



Cliquer sur le **Top Strand** (soit le brin du haut)

# Ajoutons des amorces pour PCR : Le primer FORWARD

- Votre primer est généré ! Il apparait avec une flèche qui indique le sens d'élongation qu'il va subir pendant la PCR.

Ici pour ajouter des TAG ou autres à votre amorce

Le logiciel vous affiche en ce moment LE SEUL SITE DE FIXATION DE CETTE AMORCE :

**Site binding 1 of 1**

Si il y a avait plusieurs sites possibles, ce serait affiché 1 of x

Primer: Primer 1 22-mer / 45% GC Color: Black

5' atgaccatgattacgccactag 3'

5' Phosphorylated

Reverse Complement

Insertions

Untitled.dna 3101 bp Hybridization Parameters

Primer 1 atgaccatgattacgccactag

5' ... ttcacacaggaaacagctatgaccatgattacgccactagtcaggacctcgagatctat ... 260

3' ... aagtgtgtcctttgtcgaactactgggtactaatgCGgtgatcaggctccggagctctagata ... 260

1 5 10 Met Thr Met Ile Thr Pro Leu Val Arg Gly Leu Glu Ile Tyr

lacZα

M13 rev

Met Thr Met Ile Thr Pro Leu Val Arg Gly Leu Glu Ile Tyr

Ala Val Leu Gly Leu Gly Arg Ser Arg Asp

Lys Val Cys Ser Val Ala Ile Val Met

Show binding site 1 of 1

22 annealed bases / T<sub>m</sub> = 57°C

Add Primer to Template Close

Close after adding primer

Primer et son sens d'élongation (pédagogique je trouve 😊)

Nombre de bases complémentaires séquence /amorce et T<sub>m</sub> théorique.

Pour valider et ajouter le primer

# Ajoutons des amorces pour PCR : Le primer REVERSE

- Je vous laisse faire.
- Vous devriez obtenir :

tagtacgcgccctgtagcggcgcattaagcgcg  
atcatgcgcgggacatcgccgcgtaattcgcg

140 145  
s Ser Thr Arg Pro Val Ala Ala His \*

\*  
s Ser Thr Arg Pro Val Ala Ala His \*

t Thr Arg Ala Arg Tyr Arg Arg Met

ggacatcgccgcgtaatt  
Primer 2

Primer 2  
18-mer / 56% GC  
1 binding site  
642 .. 659 = 18 annealed bases  
T<sub>m</sub> = 56°C

ctttcttccc  
gaaagaaggg

Lys Arg Gly Lys Arg Gly Arg Trp Thr Arg Arg

Cela fait 1°C d'écart de T<sub>m</sub> entre les 2 amorces, elles sont toutes deux spécifiques, Le GC% de la REVERSE est élevé (voir si autre outil numérique pourrait proposer mieux).  
GC clamp en 3' des amorces OK

Impossible d'aller plus loin et de simuler la PCR ici dans la version gratuite ☹️

**PENSER A SAUVER LE TRAVAIL NOUS ALLONS LE REUTILISER DANS UN AUTRE OUTIL POUR SIMULER LA PCR**