Clon Manager v7.1

Tutorial





Laboratorio de Ingeniería Genética y Biología Celular y Molecuar

<u>Inicio</u>



Abrir el programa a partir del icono "SECentral"

Para abrir un archivo compatible dirigirse a la barra de menú y seguir la siguiente ruta, **Ruta**:

File.

Open (luego buscar el archivo deseado). Tener en cuenta que solo son compatibles los archivos con extensión ".**txt**", ".**clm**" o ".**cm5**"



En la pantalla principal usted tiene dos menú. Uno sobre la parte superior y otro sobre la parte inferior de la pantalla.

El menú inferior le permite visualizar su molécula como:

- un gráfico (Map),
- ver la lista de enzimas que la cortan (RMap)
- la secuencia nucleotídica y aminoácidoca de sus orfs (Sequence),
- las características en cuanto a orfs, promotores, genes, (Features)

El menú superior tiene las opciones para modificar, agregar, ligar, cortar diseñar primers sobre sus moléculas.

Buscar sitios de corte de Enzimas de restricción

Ruta:

Clone

Find enzyme sites: Ingresar el nombre de la enzima. Si son más de una separar, cada una con una coma. Al aceptar aparecerá un cuadro que le pedirá

Add site (agregar el sitio en la molécula)

Cut enz (si quiere cortar su molécula con las enzimas elegidas) **Cut site** (si quiere cortar la molécula solo en ese sitio)

<u>Cortar su molécula con enzimas de restricción</u> Ruta:

Clone

Cut Ingresar el nombre de la enzima. Si son más de una separar, cada una con una coma. Al aceptar aparecerá un cuadro que le pedirá el nombre de la molécula digerida.

Modificar extremos

Ruta:

Clone

Modify. Ends: Sobre una molécula lineal usted podrá modificar los extremos, ya sea realizando un *fill in*, una exonucleólisis 5´-3´ o 3´-5´ o mediante un *fill in* parcial

Ligar dos moléculas

Ruta: Clone

Ligate: Visualizará el siguiente cuadro



Usted podrá escoger las moléculas a ligar, clickeando sobre el símbolo a su derecha (recuadrado en rojo). Una vez escogidas las moléculas clickear el boton de **Ligate** (menú inferior de la pantalla activa)

<u>Buscar un marco abierto de lectura</u> Ruta Operations

Orf search: Visualizará el siguiente cuadro

| 英语×亭+ 留水留留 25 # C Stati |
|--|
| Sec1 EcoRV Sec1 Sec1 Sec1 |

Usted deberá escoger el codon de inicio, el tamaño mínimo del *orf* que busca, y la cantidad de *orf* que desea que encuentre como mínimo.



Elegir el *orf* deseado y clickear "Enter gene". posteriormente deberá asignarle un nombre.

Visualizar la secuencia aminoacídica de un orf

Sobre el menú inferior de la pantalla principal Ruta

Sequence: Visualizará el siguiente cuadro

| - | Active (Language) | | - | Contract In case of the | | | | | ALL AL |
|--------------------------------------|-------------------|-----------|---------------|-------------------------|--------------|-------------|-------------|-------------|--------|
| 7 F | 18 C> - | 2 | 2 2 | 1 222 10 | | | | | 10.44 |
| | gatetateta | gtogacttg | a soutortar | og cagttotcop | annangtyn | tagtaanttt | agetataage | mantstgasc | - |
| 81 | attgatttta | getttaata | a ttatacati | t tttactotat | CTOTETET | ttatttaaat | totattttgo | goosatggag | |
| 161 | gcogttgcat | mactatant | g agtgtgtc; | g cogenettet | tgogecaccg | tttcctcctt | tastastas | cctgtstatt | |
| 241 | agataaataa | ttaggecca | a asatatead | t geaceatas | gecatatosa | oggeattaat | ttattastaa | egetgteget | |
| 321 | cds0000000 | cocggtace | c sattegees | t stagtgagtc | gintincasi | tractgoodg | tegttttaca | mogtogtgac | |
| 401 | tgggaaaacc | otggogtta | e cosacttas | at egeettgeag | eecatecocc | tttogscage | togogtaata | dodaydaddo. | |
| 451 | cogcacogat | egecettee | c sacagttg | og cageetgaat | googaatggo | accordects | tageograpea | ttaagogcog | |
| 561 | equaturant | ggttacgog | e agegrgace | g ctasacttige | cagogocota | dedeceders. | ottrogettt | ettecettee | |
| 641 | tttctcgcca | cgttcgccg | g ottteece; | t casgetetas | atcggggggtt | ccctttmggg | ttccgattta | gtgttttacg | |
| 721 | Scocercdsc | cocaaaaaa | o ttgattagg | ng tgatggttca | edtagiddad | categocoty | atagaoggtt | tregecett | |
| 100 | tgacgttgga | gtccacgtt | c tttmstagt | g gactettgtt | connet.ggn | acascactca | accetatete | ogtetattet | |
| 381 | cregatitat | aagggattt | c googattto | ng geotattggt | tesessetge | gotgatttaa | caseastta | acgregaattt | |
| 961 | tascassata | ttmacgett | a caatttag; | st ggcacttttc | googaaatgt | dcdcddmecc | cctatttgtt | tatttttt | |
| 041 | aatacattoa | aatatgtat | e ogeteatge | ng acastassec | tgataaatgo | tteaataata | ttgeessegg | aagagtatga | |
| 121 | gtattcaaca | tttccgtgt | c gcccttatt | te estititige | ggcatttige | cttcctgttt | ttgeteacce | agaaacgetg | |
| 201 | gtgaaagtaa | aagatgetg | a agatcagti | d. düräcspäsed | t toggttacat | ogeeotoget | creaseageg | graagateet | |
| 281 | tgagagtttt | cdeccedar | g margittit | c astgatgage | acttttaaag | ttetgetatg | tggcgcggta | ttateccgta | |
| ALC: NOT THE OWNER OF TAXABLE PARTY. | Nap FMap | Sequence | Features Infr | Č. | | | | | |

Apretar el botón sobre el extremo superior izquierdo (recuadro en rojo). Elegir el formato de visualización que desea (ADN doble cadena, traducción de los tres marcos de lectura)

Editar la secuencia nucleotídica Sobre el menú inferior de la pantalla principal Ruta

Sequence: Visualizará el cuadro mostrado anteriormente Apretar el botón sobre el extremo superior derecho (Botón editar recuadro punteado en amarillo).

Modificar la secuencia y luego aceptar la modificación clickeando el botón de tilde (en verde) ubicado al lado del botón de editar