

Comment saisir un primer ?

Gemma distingue deux types d'information pour les primers :

- les caractéristiques intrinsèques d'un primer c'est à dire le nom, le marqueur, la séquence, l'orientation, le Tm et le Poids Moléculaire ou PM (calculés).
- les caractéristiques de l'échantillon de primer, c'est à dire le N° du tube, la concentration, le fluorophore, la purification éventuelle, la présence d'un aminolink.

Comme pour les marqueurs, vous pouvez ajouter un Primer :

- en mode classique (quelques primers à saisir)
- en utilisant un fichier de primers (beaucoup de primers à saisir)

Comment saisir un échantillon de primer ?

Cliquer "Nouveau Primer" dans le menu "Marqueur" :

ECHANTILLON PRIMER

Nom du Primer: MARQUEUR1/1 Nom du Marqueur: MARQUEUR1

No Echantillon: 1 Tm: 48 MW: 5209

Séquence (5' ->): ACCCGTTAATTC CAATG 5' -> 3'

Orientation: Concentration: 50,0 µM Calcul

Boite: 1 Position: 1 Mélangé:

No Ech Source: 0

Fluorophore: Ned

Utilisé: Courant:

Purifié: Aminolink: Autre modif.:

Remarque (5' ->): Gibco

OK Annuler

- Nom Primer : saisir le nom du primer
 - Si le primer a déjà été saisi, le nom du marqueur, la séquence, l'orientation, la concentration, le Tm et le Poids Moléculaire (MW) sont automatiquement affichés
 - sinon préciser chaque information. Attention, le marqueur doit exister dans la base.
- N° d'échantillon (ou n° du tube) : Si c'est la première fois que vous saisissez ce primer, le numéro d'échantillon proposé est 1 sinon il est égal au dernier numéro d'échantillon plus un.
- Boite et Position dans la boite : préciser ces deux informations vous aidera pour la préparation des manipulations.
- Si l'échantillon est issu d'un autre échantillon, préciser l'échantillon source.

- Fluorophore : choisir dans la liste proposée. (dire un mot sur le marqueur)
- Utilisé : Si le primer appartient au couple du protocole courant (Cf. Saisie des protocoles), la case '**Utilisé**' d'un échantillon FLUORESCENT doit être cochée, pour que le marqueur concerné soit alors utilisable pour ce fluorophore dans les compositions de gel (Cf Création du Gel). Il n'est utile de cocher cette case pour les échantillons non marqués qu'à titre indicatif dans le cas où plusieurs échantillons non marqués existent. La rubrique '**Utilisé**' permet à GEMMA de vérifier que c'est toujours le même brin d'ADN qui est analysé pour tous les couples utilisés dans l'étude d'un marqueur. Il est ainsi possible d'avoir deux échantillons utilisés avec un même primer marqué par Tamra et Tet.
- Courant : cocher cette case si cet échantillon est "l'échantillon courant". Attention, on ne peut avoir qu'un échantillon courant par primer. S'il y avait déjà un échantillon courant pour ce primer, ce dernier devient automatiquement non courant. Cette information est importante à préciser car elle est utilisée au moment de la création des plaques PCR (et des Gels ?).

Comment saisir plusieurs échantillons de primers en même temps ?

Saisir les échantillons primers et leurs informations dans un fichier Excel. Vous devez saisir un échantillon de primer et les informations s'y rapportant par ligne. Voir ci-dessous les données à importer et leur format. Pour la séquence, le fluorophore, les valeurs booléennes (Vrai ou faux), vous pouvez saisir en minuscule ou en majuscule. Quelques précisions :

- si vous ne précisez pas de numéro d'échantillon, Gemma mettra "1" si c'est le premier primer ou ira calculer le numéro en fonction des échantillons primers déjà stockés.
- si vous ne précisez rien pour "Courant", Gemma mettra automatiquement "Courant=Vrai".
- si Courant est Vrai, l'échantillon sera automatiquement utilisé, c'est à dire "Utilisé=Vrai".

Sauvegarder le fichier en format "Txt (séparateur=tabulation)".

Dans Gemma,

- Cliquer sur "Utilisation Directe" dans le menu "Fichier"
- Cliquer sur "Import Primers" dans le menu "Import données"
- Cliquer sur "Choisir Fichier"

Il est ensuite possible de choisir l'ordre des informations à importer (Nom Marqueur, Nom Primer, .etc.). Utilisez les "PopUp" pour faire votre choix. Le premier PopUp correspond à la première colonne, le deuxième à la seconde et ainsi de suite jusqu'au dernier. Pour vous aider, les premières lignes de votre fichier sont visualisées.

Le sens proposé par Gemma est "Nom Marqueur, Nom Primer, Séquence, N° Tube, Boite, Position, Concentration, Utilisé, Courant, Purifié, Mélangé, N° Ech Source, Fluorophore".

Les seules informations obligatoires sont "Nom Primer" et "Nom Marqueur". Les autres sont facultatives et peuvent être ajoutées ultérieurement. Gemma propose d'importer autant d'informations qu'il y a de colonnes dans votre fichier. Si vous n'avez saisi que 4 colonnes par exemple, Gemma propose 4 PopUp.

IMPORTER DES PRIMERS ET DES ECHANTILLONS PRIMERS

Fichier

Le fichier doit être suffixé .bt

Sauvegarder le fichier Excel sous le format :

Texte (séparateur=tabulation)

Choisir le Fichier :

Choisir Fichier

Choisir les données à importer :

Nom Marqueur Nom Primer Fluorophore Courant Boite Position

MARQUEUR1 MARQUEUR1A 6Fam VRAI 5 24
MARQUEUR1 MARQUEUR1B VRAI 5 3
MARQUEUR2 MARQUEUR2A Hex VRAI 2 10
MARQUEUR2 MARQUEUR2B VRAI 2 23
MARQUEUR3 MARQUEUR3A Tet VRAI 3 28
MARQUEUR3 MARQUEUR3B VRAI 3 29
MARQUEUR4 MARQUEUR4A 6Fam VRAI 5 4

Données à importer

Vous pouvez importer une ou plusieurs informations parmi les suivantes :

- Nom du Marqueur (10 caractères)*
- No Ech Source (Entier)
- Nom du Primer (20 caractères)*
- Mélange (Vrai ou Faux)
- Séquence (Texte)
- Fluorophore (5 caractères)
- No Tube (Entier)
- Utilisé (Vrai ou Faux)
- Boite (9 caractères)
- Courant (Vrai ou Faux)
- Position dans la boite (Entie
- Purifié (Vrai ou Faux)
- Concentration (Entier)

* Donnée obligatoire

Le marqueur doit exister dans la base

Que fait l'import de données ?

- Si le Primer n'existe pas, il est créé
- Si le N° Tube n'est pas importé, le N° Tube est calculé pour chaque Echantillon Primer
- Si Courant n'est pas spécifié, il est initialisé à Vrai
- Si tout est Ok, l'Echantillon Primer est créé et l'échantillon courant est mis à jour

Importer

Cliquer sur le bouton "Importer" pour importer les données.

Que fait Gemma ?

- Il fait d'abord des contrôles sur les données à enregistrer :
 - o Le marqueur doit exister dans la base.
 - o Si le fluo est renseigné, il doit faire partie de la liste connue (Joe, Hex, Fam, 6Fam, Tamra, Tet, Ned)
 - o Si le n° de tube est renseigné, Gemma contrôle que l'échantillon formé par le couple "Nom Primer, N° Tube" n'existe pas dans la base.
 - o Y a-t-il un contrôle sur boite, position ? non
- Puis il ajoute et mets à jour certaines informations :
 - o Si le primer n'existe pas, il est créé.
 - o Si l'échantillon primer n'existe pas, il est créé.
 - o Si l'échantillon est courant, il mets les autres échantillons pour ce primer à "non courant".
 - o Si le fluo est indiqué, il mets à jour le fluo au niveau du Marqueur.

Compte rendu des imports pour les Ech_Primers

```

Primer = MARQUEUR8A ajouté dans la table PRIMERS
Echantillon Primer = MARQUEUR8A No Tube = 1 ajouté dans la table ECH PRIMERS
Primer = MARQUEUR8B ajouté dans la table PRIMERS
Echantillon Primer = MARQUEUR8B No Tube = 1 ajouté dans la table ECH PRIMERS
Primer = MARQUEUR9A ajouté dans la table PRIMERS
Echantillon Primer = MARQUEUR9A No Tube = 1 ajouté dans la table ECH PRIMERS
Primer = MARQUEUR9B ajouté dans la table PRIMERS
Echantillon Primer = MARQUEUR9B No Tube = 1 ajouté dans la table ECH PRIMERS
Primer = MARQUEUR10A ajouté dans la table PRIMERS
Echantillon Primer = MARQUEUR10A No Tube = 1 ajouté dans la table ECH PRIMERS
Primer = MARQUEUR10B ajouté dans la table PRIMERS
Echantillon Primer = MARQUEUR10B No Tube = 1 ajouté dans la table ECH PRIMERS

Nombre de Primers ajoutés = 20
Nombre d'Echantillons Primers ajoutés = 20
    
```

Vous devez ensuite valider ou non l'import :

Confirmer



Veux tu vraiment ajouter ces Primers et ces Echantillons Primers ?

Si vous voulez visualiser ce qu'a fait Gemma, demandez la liste des primers :

Liste des échantillons primers																
20 fiches sélectionnées																
N° Primer	Nom Marqueur	Ech	Boîte	Pos	Mélangé	Orig	Orient	Tm	Fluo	Utilisé	Courant	[] µM	Pu	Am	Au	Séquence
MARQUEUR1A	MARQUEUR1	1	5	24	<input type="checkbox"/>	0		0	6FAM	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR1B	MARQUEUR1	1	5	3	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR2A	MARQUEUR2	1	2	10	<input type="checkbox"/>	0		0	HEX	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR2B	MARQUEUR2	1	2	23	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR3A	MARQUEUR3	1	3	28	<input type="checkbox"/>	0		0	TET	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR3B	MARQUEUR3	1	3	29	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR4A	MARQUEUR4	1	5	4	<input type="checkbox"/>	0		0	6FAM	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR4B	MARQUEUR4	1	5	9	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR5A	MARQUEUR5	1	1	12	<input type="checkbox"/>	0		0	NED	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR5B	MARQUEUR5	1	1	17	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR6A	MARQUEUR6	1	2	16	<input type="checkbox"/>	0		0	NED	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR6B	MARQUEUR6	1	2	2	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR7A	MARQUEUR7	1	5	10	<input type="checkbox"/>	0		0	HEX	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR7B	MARQUEUR7	1	5	8	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR8A	MARQUEUR8	1	2	8	<input type="checkbox"/>	0		0	HEX	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR8B	MARQUEUR8	1	2	6	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR9A	MARQUEUR9	1	3	11	<input type="checkbox"/>	0		0	6FAM	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR9B	MARQUEUR9	1	3	2	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR10A	MARQUEUR10	1	1	3	<input type="checkbox"/>	0		0	NED	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	
MARQUEUR10B	MARQUEUR10	1	1	6	<input type="checkbox"/>	0		0	-	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	0	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	

On peut constater que :

- "le numéro d'échantillon" a été initialisé à 1 bien que cette information n'ait pas été précisée dans le fichier.
- "Utilisé" est à Vrai bien que cette information n'ait pas été précisée dans le fichier. En effet, pour Gemma, quand un échantillon primer est "Courant", il est automatiquement "Utilisé".

Que s'est-il passé au niveau des marqueurs ?

Liste de marqueurs																
10 fiches sélectionnées												08/08/2002				
Nom Marqueur	Nb All.	PIC / FD	Nb FO	Chr.	In Situ	Pos.	Link HS	Origine	Statut	Proto	Taille Min Max	Joe Hex	Fam 6-F	Tamra Tet	Ned	Non Géré
MARQUEUR1	0	0,00	0	2	2p21 2p22	10	<input type="checkbox"/>	locare	52 PCR	1144		<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR2	0	0,00	0	7		178	<input type="checkbox"/>	INRA	1 Abandon	1145		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR3	0	0,00	0	7		189	<input type="checkbox"/>	INRA	1 Abandon	1146		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR4	0	0,00	0	7		120	<input type="checkbox"/>	INRA	1 Abandon	1147		<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR5	0	0,00	0	7		234	<input type="checkbox"/>	INRA	71 -	1148		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR6	0	0,00	0	7		650	<input type="checkbox"/>	INRA	72 -	1149		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR7	0	0,00	0	7		890	<input type="checkbox"/>	INRA	121 Abandon	1150		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR8	0	0,00	0	7		900	<input type="checkbox"/>	INRA	521 PCR-RFL	1151		<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR9	0	0,00	0	7		230	<input type="checkbox"/>	INRA	21 Problème	1152		<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
MARQUEUR10	0	0,00	0	7		110	<input type="checkbox"/>	INRA	6 Cytogén.	1153		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Pour chaque marqueur, le fluo utilisé a été mis à jour.