

Localiser des sites de restriction sur une séquence d'ADN et visualiser le gel d'agarose obtenu

NEBcutter
version 2.0

NEBcutter permet de localiser des sites d'enzyme de restriction et également de visualiser le produit obtenu lors de la digestion par ces enzymes.

Ce logiciel ne nécessite pas d'installation sur le disque dur.

L'acquisition des séquences nucléotidiques est à réaliser à l'aide de la fiche « Travail sur les molécules »>>

Acquérir des séquences nucléiques ou protéiques à partir de banques de données ».

Utilisation du logiciel

Se connecter sur le site : <http://tools.neb.com/NEBcutter2>



NEBcutter V2.0



This tool will take a DNA sequence and find the large, non-overlapping open reading frames using the E.coli genetic code and the sites for all Type II and commercially available Type III restriction enzymes that cut the sequence just once. By default, only enzymes available from NEB are used, but other sets may be chosen. Just enter your sequence and "submit". Further options will appear with the output. **The maximum size of the input file is 1 MByte, and the maximum sequence length is 300 Kbases.**

[What's new in V2.0](#) [Citing NEBcutter](#)

Étape 1 : entrer le N° d'accèsion de la séquence du vecteur de clonage ou copier sa séquence au format FASTA

Étape 2 : choisir la forme de la séquence

Étape 3 : cliquer pour obtenir la carte de tous les sites de restriction

Ou Étape 1 : choisir le vecteur de clonage étudié

Un exemple : fabrication d'un marqueur de taille à partir du phage lambda, utilisation de deux enzymes de restriction ; EcoRI et Hind III

Cliquer

Localiser des sites de restriction sur une séquence d'ADN et visualiser le gel d'agarose obtenu

Nebcutter version 2.0

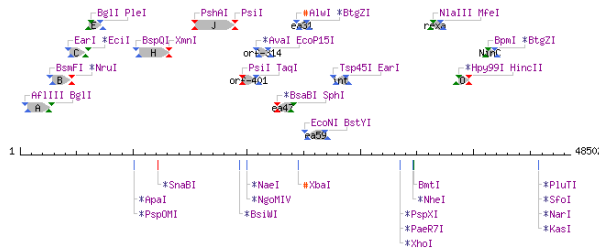


Display: - NEB single cutter restriction enzymes
- Main non-overlapping, min. 100 aa ORFs
GC=50%, AT=50%

Linear Sequence: Lambda

[Help](#) [Comments](#)

Cleavage code Enzyme name code
 ✂ blunt end cut Available from NEB
 5' extension Has other supplier
 3' extension Not commercially available
 ✂ cleavage affected by CpG meth.
 ✂ cleavage affected by other meth.
 (enz.name): ambiguous site



Cliquer

- Main options
- New DNA
- Custom digest
- View sequence
- ORF summary
- Translate GB file
- Save project
- Print

Availability
All commercial
All

Display
2 cutters
3 cutters

Zoom
Zoom in
More...

List
0 cutters
1 cutters
All sites
Save all sites
Flanking enzymes

Cocher les enzymes choisies

Pick all	Enzyme	Specificity	Cuts	% activity in			
				1	2	3	4
<input type="checkbox"/>	EcoP15I	CAGCAG (N) ₂₆ TNN ₂	72	75	100	100	100
<input checked="" type="checkbox"/>	EcoRI	G ¹ AAT ¹ C	5	100	100	100	100
<input type="checkbox"/>	EcoRV	GAT ¹ ATC	21	50	75	100	50
<input type="checkbox"/>	FatI	T ¹ CAT ¹ ₂	181	10	100	50	50
<input type="checkbox"/>	FauI	CCCCHNNN ¹ NN ₂	90	100	50	10	100
<input type="checkbox"/>	Fnu+HI	GC ¹ N ₂ GC	380	10	25	25	100
<input type="checkbox"/>	FokI	GGATG (N) ₉ TNNNN ₂	150	100	100	75	100
<input type="checkbox"/>	FspEI	CC (N) ₁₂ TNNNN ₂	5671	?	?	?	100
<input type="checkbox"/>	FspI	TGC ¹ GCA	15	10	75	10	100
<input type="checkbox"/>	HaeII	R ₂ GCG ¹ Y	48	75	100	50	100
<input type="checkbox"/>	HaeIII	GG ¹ CC	149	50	100	25	100
<input type="checkbox"/>	HgaI	GACGC (N) ₅ T (N) ₂ G ₂	102	100	75	50	100
<input type="checkbox"/>	HhaI	G ¹ CG ¹ C	215	75	100	100	100
<input type="checkbox"/>	HinPII	G ¹ CG ¹ C	215	100	100	100	100
<input type="checkbox"/>	HincII	GTY ¹ RAC	35	75	100	100	100
<input checked="" type="checkbox"/>	HindIII	A ¹ AGCT ¹ T	6	50	100	10	50
<input type="checkbox"/>	HinfI	G ¹ ANT ¹ C	148	75	100	75	100
<input type="checkbox"/>	HpaI	GTT ¹ AAC	14	25	25	10	100
<input type="checkbox"/>	HpaII	C ¹ CG ¹ G	328	100	50	10	50
<input type="checkbox"/>	HphI	GGTGA (N) ₇ N ¹	168	?	75	0	100
<input type="checkbox"/>	Hpy166II	GTN ¹ NAC	125	100	100	50	100
<input type="checkbox"/>	Hpy188I	TC ¹ N ¹ GA	170	50	25	10	100
<input type="checkbox"/>	Hpy189III	TC ¹ N ¹ GA	168	100	100	10	100

Cliquer

Pick this enzyme or oligo seq:

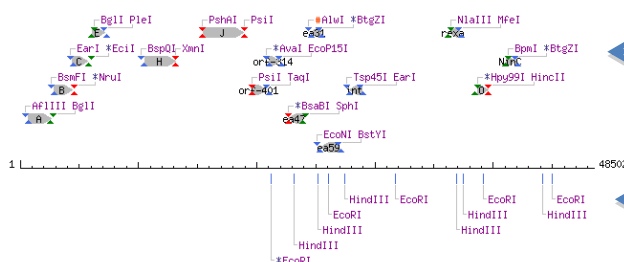


[\[Back to main display\]](#)

Custom Digest

Linear Sequence: Lambda

Sequence digested with: EcoRI, HindIII



Ensemble des sites de restriction de toutes les enzymes

Ensemble des sites de restriction des enzymes sélectionnés

Main options
New custom digest
View gel
Print

Display
Alternative

Zoom
Zoom in
More...

List
Enzymes & sites
Fragments

Localiser des sites de restriction sur une séquence d'ADN et visualiser le gel d'agarose obtenu

Nebcutter version 2.0

The screenshot displays the 'Custom Digest' interface of the Nebcutter software. At the top, it shows 'Lambda - digested with: EcoRI, HindIII'. Below this, there are three dropdown menus: 'Gel Type:' set to '0.7% agarose', 'Marker:' set to 'none', and 'DNA Type:' set to 'Unmethylated'. To the right of these menus are buttons for 'Print', 'Close', 'Help', and 'Comments'. Below the menus is a table with 12 rows of restriction sites, including their ends, coordinates, and lengths in base pairs. To the left of the table is a virtual gel image with a vertical scale from 100 to 10000 bp. The gel shows horizontal bands corresponding to the restriction sites. A text box on the left says 'Résultat obtenu sur le gel d'agarose à 0.7%' with an arrow pointing to the gel image. Another text box in the center says 'Choisir le % d'agarose et le nom du marqueur de taille' with arrows pointing to the 'Gel Type' and 'Marker' dropdowns. A third text box on the right says 'Taille des fragments obtenus' with an arrow pointing to the 'Length (bp)' column of the table. At the bottom left, there is a note: 'The virtual gel was generated by interpolating experimental data. See [details](#).'

#	Ends	Coordinates	Length (bp)
1	(LeftEnd)-EcoRI	1-21226	21226
2	EcoRI-HindIII	31748-36895	5148
3	EcoRI-HindIII	39169-44141	4973
4	HindIII-EcoRI	27480-31747	4268
5	EcoRI-(RightEnd)	44973-48502	3530
6	HindIII-HindIII	23131-25157	2027
7	EcoRI-HindIII	21227-23130	1904
8	HindIII-EcoRI	37460-39168	1709
9	EcoRI-HindIII	26105-27479	1375
10	HindIII-EcoRI	25158-26104	947
11	HindIII-EcoRI	44142-44972	831
12	HindIII-HindIII	36896-37459	564

Le logiciel Nebcutter permet d'obtenir la cartographie des sites de restriction d'un vecteur de clonage et de déterminer la taille des fragments de restriction obtenus.