

### Objectif

Les séquenceurs ABI 3730 et 3100, depuis sa mise à jour récente, utilisent une version de datacollection supérieure à celle qui était en place sur le 3700. De ce fait, le format des fichiers de génotypage .fsa produits par le 3730 et le 3100 sont légèrement différents. Vous pouvez utiliser le logiciel GeneMapper pour les analyser ou alors GeneScan 3.7. Si vous désirez utiliser GeneScan, il convient de faire une manipulation avant analyse. Cette page explique la façon de faire pour analyser vos fichiers avec GeneScan 3.7.

### Procédure

1. Téléchargez le fichier matrice dont vous avez besoin sur le site intranet du CRGS à l'adresse <http://genomique.genotoul.fr/intranet/index.php?id=133>. Ces fichiers nous ont été fournis par Applied Biosystems.
2. Enregistrez le dans un répertoire de votre installation GeneScan (pour nous c'est : C:\Program Files\AppliedBio\shared\Analysis\sizecaller\params\)
3. Importez vos échantillons dans GeneScan
4. Sélectionnez tous vos échantillons (Ctrl + A)
5. Cliquez sur le menu "Sample" puis "Install New Matrix". Sélectionnez la matrice que vous voulez utiliser, en fonction du nombre de couleurs avec lequel vous avez travaillé pour l'obtention de vos résultats.
6. La matrice s'installe dans tous les échantillons
7. Cliquez sur le bouton pour réaliser l'analyse de vos échantillons.

**Remarque 1** : si l'import dans GeneScan de vos échantillons échoue, il se peut que le problème vienne de la localisation de vos fichiers résultats. Enregistrez les de préférence dans la même partition que celle où est installé GeneScan.

**Remarque 2** : GeneScan générera une erreur si vous l'installez sur un PC disposant de trop de mémoire vive ( $\geq 1\text{Go}$ ).

**Remarque 3** : GeneScan 3.7 ainsi que GeneMapper 4.0 sont mis à disposition sur les PC de la plateforme Génomique pour vos analyses.