

# Fiche technique d'utilisation du logiciel SEAVIEW



## 1. Afficher une séquence ou un ensemble de séquences

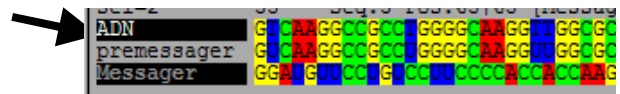
File / open/ « fichier »

Attention, les séquences à traiter doivent être présentes dans un même fichier, il est impossible d'en ajouter en cours de manipulation

## 2. aligner des séquences

- pour rechercher des exons

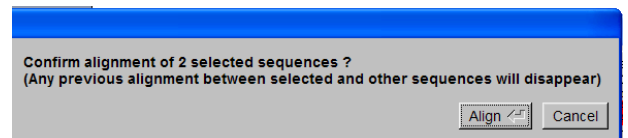
- Sélectionner les séquences à comparer en cliquant sur la partie « nominative » de la séquence : le fond se noircit.



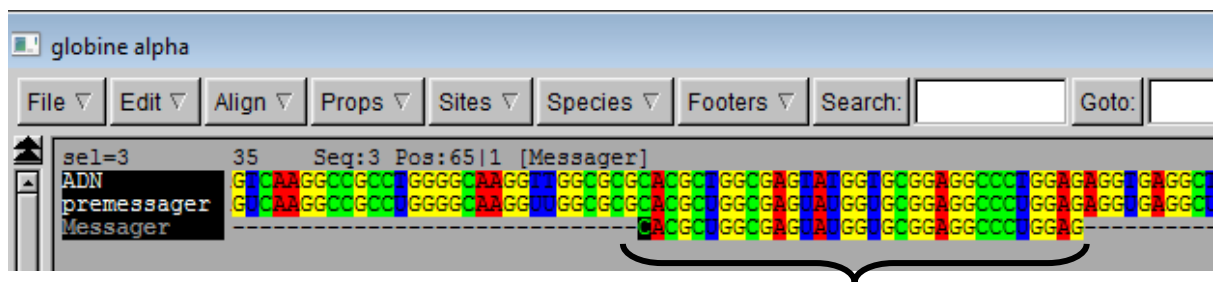
- Align / align selected sequences

Ce calcul peut être un peu long si les séquences sont très longues.

- Confirmer en cliquant sur Align, puis OK



## Résultats :



Nucléotides absents

Nucléotides identiques alignés  
= exon

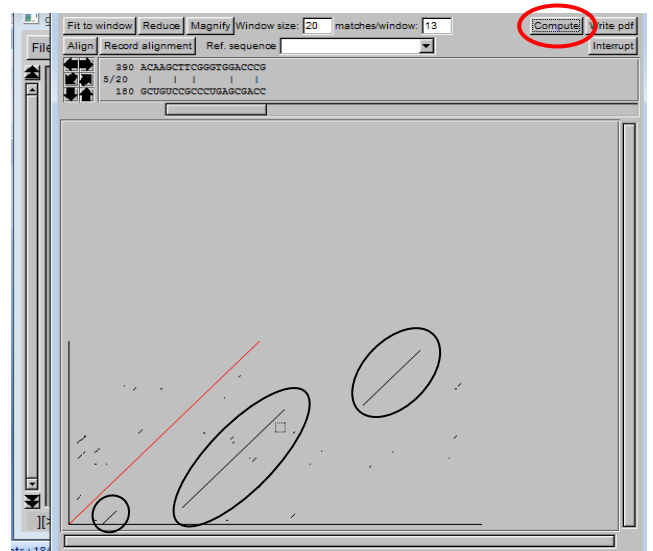
Il est possible de revenir à l'état initial en « désalignant » les séquences : Align / De-align selection

Il est possible de **visualiser graphiquement** les positions des exons dans le gène

Seules deux séquences d'intérêt doivent être sélectionnées, choisir alors : Edit / Dot plot

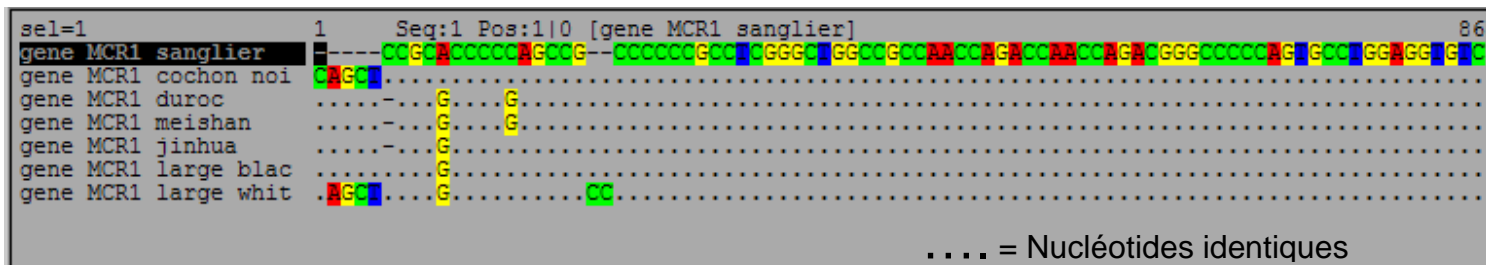
Une fenêtre graphique s'affiche, cliquer sur « compute » le bandeau supérieur indique les noms des séquences horizontale et verticale

Les zones codantes (exons) correspondent aux diagonales noires

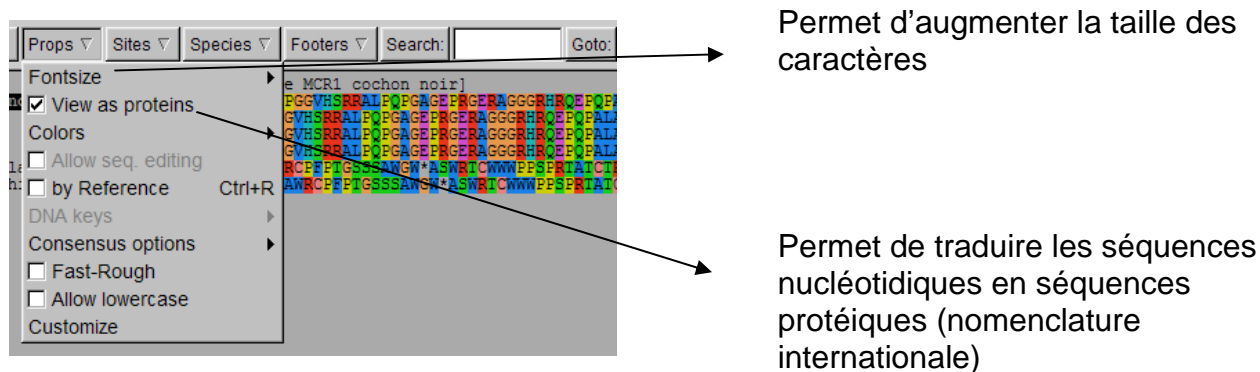
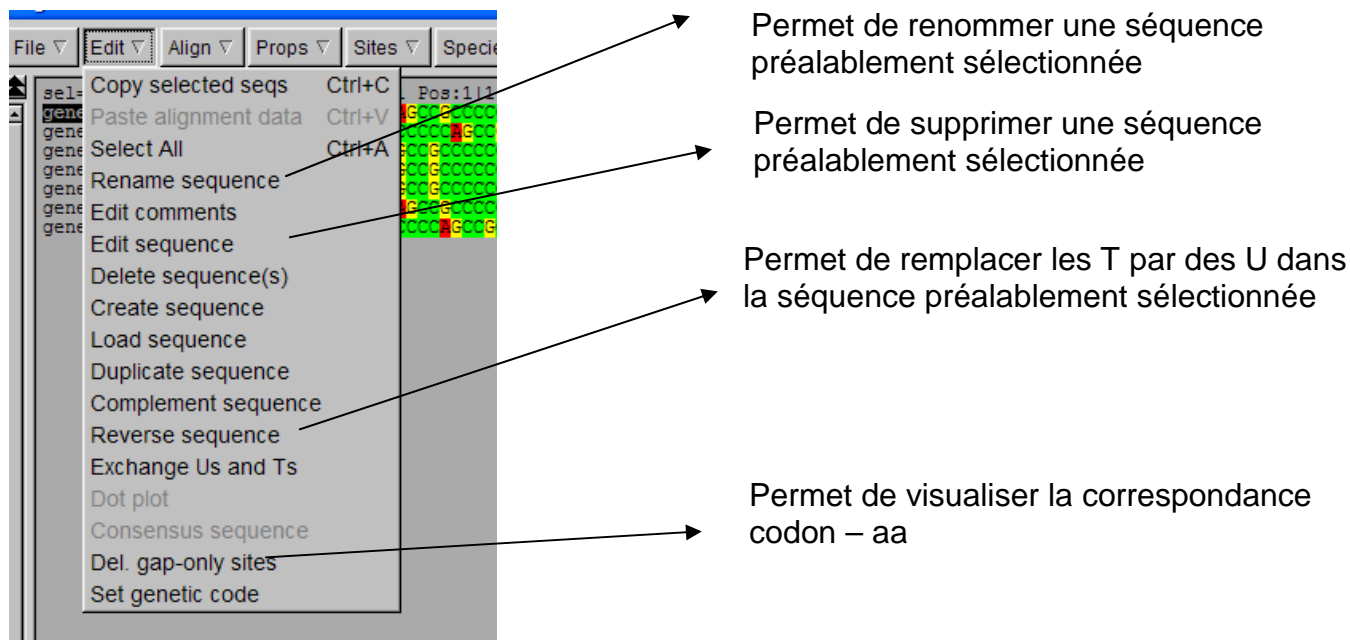


- pour mettre en évidence des mutations

Après avoir aligné les séquences, il est possible de choisir une des séquences comme référence afin d'afficher uniquement les nucléotides différents, pour cela ne sélectionner que la séquence qui deviendra référence, puis sélectionner : props / cocher « by reference »



### Autres fonctions



## Construire un fichier utilisable dans seaview

- Copier la séquence du gène choisi dans NCBI
- Ouvrir un document avec le logiciel Bloc- notes (dans tous les programmes/accessoires)



- Mettre le signe **>**, puis écrire à quoi correspond la séquence
- Aller à la ligne, et coller la séquence
- Enregistrer sous forme texte.

