

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.

essager

- Align / align selected sequences

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

 Confirmer en cliquant sur Align, puis OK

Confirm alignment of 2 selected sequences ? (Any previous alignment between selected and other sequences will disappear)
Align <

## **Résultats :** 🗾 globine alpha File ∇ Edit $\nabla$ Align V Props V Sites V Species V Footers V Search: Goto: 35 sel= :3 Pos:6511 premessager

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

File	Fit to window Reduce Magnify Window size: 20 matches/window: 13   Align Record alignment Ref. sequence Image: Sequence Image: Sequence   59.0 Align Image: Sequence Image: Sequence Image: Sequence   59.0 Image: Sequence Image: Sequence Image: Sequence   59.0 Image: Sequence Image: Sequence Image: Sequence   59.0 Image: Sequence Image: Sequence Image: Sequence	Compute) rite pdf

• 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 »

sel=1	1	1 Seq:1 Pos:1 0 [gene MCR1 sanglier]	86
gene MCR1 san	nglier –	ccccc_cccccccccccccccccccccccccccc	GGTGTC
gene MCR1 coc	chon noi <mark>C</mark>	GC	
gene MCR1 dur	. oc	<mark>.</mark>	• • • • • •
gene MCR1 mei	shan .	····	• • • • • • •
gene MCRI jin	inua .	····· <sup>_</sup> ··· <sup>g</sup> ······	• • • • • • •
gene MCRI lar	ge blac .		
gene noki idi	.ge white .		
		= Nucléotides identiques	

## Props V Sites V File $\nabla$ Edit $\nabla$ Align $\nabla$ Specie sel= Copy selected seqs Ctrl+C Ctrl+\ gene Paste alignment data gene gene Select All Ctri+A gene gene Rename sequence gene Edit comments Edit sequence Delete sequence(s) Create sequence Load sequence Duplicate sequence Complement sequence Reverse sequence Exchange Us and Ts Dot plot Consensus sequence Del. gap-only sites Set genetic code

Autres fonctions

Permet de renommer une séquence préalablement sélectionnée

Permet de supprimer une séquence préalablement sélectionnée

Permet de remplacer les T par des U dans la séquence préalablement sélectionnée

Permet de visualiser la correspondance codon – aa



Permet d'augmenter la taille des caractères

Permet de traduire les séquences nucléotidiques en séquences protéiques (nomenclature internationale)

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

Sans titre - Bloc-notes										
Fichier	Edition	Format	Affichage	?						

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

Sans titre - Bloc-notes									
Fichier	Edition	Format	Affichage	?					
>gene ovalbumine CCGAAGACATA									