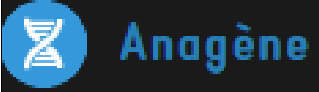





Sélectionner des séquences		Traiter des séquences																										
 <p>Permet de faire apparaître la banque de séquences. En navigant dans l'arborescence de la banque, ou en réalisant une recherche par mot-clé, faire apparaître les séquences voulues.</p>		<p>Convertir : après avoir sélectionné les molécules, les convertir en ADN t/ARNm/Peptide.</p> <p>Comparer : permet de visualiser les différences et similitudes entre molécules sélectionnées.</p> <p>La séquence consensus comprend tous les résidus identiques dans toutes les séquences comparées.</p> <p>Action enzymatique : choisir la ou les enzymes de restriction que l'on veut faire agir.</p> <p>Numérotation des éléments d'une séquence : l'échelle de numérotation s'adapte automatiquement à la séquence sélectionnée. On peut toutefois passer de l'échelle « en n^{os} de nucléotides » à l'échelle « en n^{os} d'acides aminés » en cliquant sur l'échelle elle-même.</p>																										
<p>Après avoir coché les séquences voulues, les sélectionner en cliquant sur le bouton :</p> <p>Ajouter les 2 séquences sélectionnées Une fenêtre de traitement des séquences s'ouvre.</p>		 permet de modifier directement la séquence, en opérant le changement, l'ajout ou la suppression d'un ou plusieurs nucléotides.																										
Visualiser une molécule 3D																												
<p>Si la molécule présente le logo , cela signifie qu'un fichier de visualisation 3D a été associé à la séquence. Dans ce cas, on peut réaliser la visualisation en cliquant sur le bouton 3D,</p>		<p>Déplacer / faire tourner la molécule</p> <p>Clic droit → rotation Molette avant → zoom avant Molette arrière → zoom arrière Ctrl + souris → translation Double clic → recentrage de la vue</p>																										
Sélectionner certaines parties de la molécule		Réaliser un arbre phylogénétique																										
<p>Dans <i>sélections prédéfinies</i>, on peut choisir :</p>		<p>À partir d'une comparaison de séquences, cliquer sur l'onglet « arbre phylogénétique ». On obtient une information sur les distances déterminées entre séquences. Compléter la matrice des distances qui apparaît.</p>																										
<p>Il est aussi possible de réaliser la sélection d'une partie de la séquence en passant par <i>sélections personnalisées</i>, on place alors les deux curseurs de part et d'autre de la zone à sélectionner. Plusieurs sélections peuvent être faites.</p>		<p>Matrice des distances Faites un rapprochement en sélectionnant le pourcentage de différence le plus faible</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>ASPM Chimpanzé</th> <th>ASPM Gorille</th> <th>ASPM Humain</th> <th>ASPM Orang-outan</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <th>ASPM Chimpanzé</th> <td>0%</td> <td>0.9%</td> <td>✓ 0.5%</td> <td>1.5%</td> </tr> <tr> <th>ASPM Gorille</th> <td>0.9%</td> <td>0%</td> <td>0.9%</td> <td>1.6%</td> </tr> <tr> <th>ASPM Humain</th> <td>✓ 0.5%</td> <td>0.9%</td> <td>0%</td> <td>1.5%</td> </tr> <tr> <th>ASPM Orang-outan</th> <td>1.5%</td> <td>1.6%</td> <td>1.5%</td> <td>0%</td> </tr> </tbody> </table> <p>✓ Rapprochement entre ASPM Chimpanzé et ASPM Humain</p> <p>Valider le rapprochement</p>			ASPM Chimpanzé	ASPM Gorille	ASPM Humain	ASPM Orang-outan	ASPM Chimpanzé	0%	0.9%	✓ 0.5%	1.5%	ASPM Gorille	0.9%	0%	0.9%	1.6%	ASPM Humain	✓ 0.5%	0.9%	0%	1.5%	ASPM Orang-outan	1.5%	1.6%	1.5%	0%
	ASPM Chimpanzé	ASPM Gorille	ASPM Humain	ASPM Orang-outan																								
ASPM Chimpanzé	0%	0.9%	✓ 0.5%	1.5%																								
ASPM Gorille	0.9%	0%	0.9%	1.6%																								
ASPM Humain	✓ 0.5%	0.9%	0%	1.5%																								
ASPM Orang-outan	1.5%	1.6%	1.5%	0%																								
<p>Coloration palette:</p> <p>Atome, Résidu, Nature biochimique, Chaîne, Structure</p>		<p>Ajouter une sélection partielle, Tout sélectionner, Chaîne A (5 > 6)</p> <p>Chaîne A Met Arg Lys Met Ser Glu Glu Glu Phe</p>																										
<p>Affichage palette:</p> <p>Cacher, Boules et bâtonnets, Sphères, Bâtonnets, Rubans, Squelette</p>		<p>Valider le rapprochement, les branches de l'arbre correspondantes apparaissent. Passer à l'étape suivante, c'est-à-dire sélectionner le rapprochement suivant, etc.</p>																										
<p> permet d'accéder à un module d'aide. L'aide est contextuelle.</p>																												