|  |  |
| --- | --- |
| **Sélectionner des séquences** | **Traiter des séquences** |
| Permet de faire apparaître la banque de séquences.En navigant dans l’arborescence de la banque, ou en réaliser une recherche par mot-clé, faire apparaître les séquences voulues | **Convertir** : après avoir sélectionné les molécules, les convertir en ADN t/ARNm/Peptide.**Comparer** : permet de visualiser les différences et similitudes entre molécules sélectionnées.La séquence consensus comprend tous les résidus identiques dans toutes les séquences comparées.**Action enzymatique :** choisir la ou les enzymes de restriction que l’on veut faire agir.**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 nos de nucléotides » à l’échelle « en nos d’acides aminés » en cliquant sur l’échelle elle-même. |  permet de modifier directement la séquence, en opérant le changement, l’ajout ou la suppression d’un ou plusieurs nucléotides. |
| Après avoir coché les séquences voulues, les sélectionner en cliquant sur le bouton : Une fenêtre de traitement des séquences s’ouvre.  |
| **Visualiser une molécule 3D** |
| 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 ,  | **Déplacer / faire tourner la molécule** |
| Clic droit 🡪 rotationMolette avant 🡪 zoom avantMolette arrière 🡪 zoom arrièreCtrl + souris 🡪 translationDouble clic 🡪 recentrage de la vue |
| **Sélectionner certaines parties de la molécule** | **Réaliser un arbre phylogénétique** |
| Dans *sélections prédéfinies*, on peut choisir : |  | 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.  |
| Il est aussi possible de réaliser la sélection d’une partie de la séquence en passant par *sélections personnalisées,* on place alors les deux curseurs de part et d’autre de la zone à sélectionner. Plusieurs sélections peuvent être faites*.* |  |  |
| Et comme pour les *sélections prédéfinies*, on peut modifier l’aspect visuel et la couleur grâce à la palette. |  | Valider le rapprochement, les branches de l’arbre correspondantes apparaissent. Passer à l’étape suivante, c’est-à-dire sélectionner le rapprochement suivant, etc. |
|  permet d’accéder à un module d’aide. L’aide est contextuelle. |