

UTILISATION DE JALVIEW

Organisation de la Fenêtre de commande

File Edit Select View Format Colour Calculate Web Service

70 80 90 100 110 120

Curseur

Nom et longueur des séquences

Résidus en code à une lettre

Histogramme du degré de conservation (de 0 à 11) de chaque résidu

Conservation

3 3 2 7 3 6 2 9 3 * 3 9 2 * 5 3 * 6 4 5 9 + 4 2 5 9 4 * * * 4 9 3 2 6 - 5 5 8 3 7 * 6 + * 1 0 1 2 1 1 1 2 2 0 0 1 1 0 0 1 1 - - -

Mettre en évidence avec des couleurs

Colorer des alignements : Menu «*Colour*»

- Pour **visualiser toutes les mutations** réaliser une coloration par type d'acide aminé ou type de nucléotide : *ClustalX*, *Zappo*, *Taylor*, *Nucleotide*
- Pour **visualiser les zones conservées**, réaliser une coloration par degré de conservation : *BLOSUM62 score*, *Percentage Identity*

L'option *By Conservation* permet d'**augmenter le contraste** entre les couleurs affichées.

Comparer des séquences

- **Aligner des séquences par paires :** sélectionner les séquences à **comparer** puis utiliser la commande «*Calculate/Pairwise Alignment*» pour **calculer** un alignement des séquences deux à deux et un pourcentage de ressemblances (en bas de chaque paire d'alignement : *Percentage ID*)

```
Lys-Homme  KVFPERCELARTLKRIGMDGYRGISLANWMLAKWESGYNTRATNYNAGDRSTDYGIPIQINS
Lys-Tortue  KIYEQCELAREFKRHGMDGYHGYSGLDWVCTAKHESNFNTAATNYNRGDQSTDYGIPIQINS

Lys-Homme  RYWCNDGKTPGAVNACHLSCSALLQDNIADAVACAKRVVDPQGIRAWVAWRNRCQNRDVR
Lys-Tortue  RYWCNDGKTPKAKNACGIESELLKADITAAVNCAKRVVDPQGIRAWVAWRNRCQNRDVR

Lys-Homme  QYVQCGGV
Lys-Tortue  QNWKDCKL

Percentage ID = 62.31
```

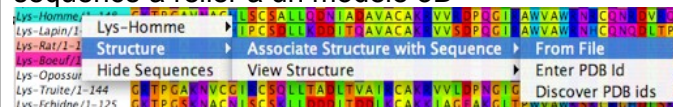
- Aligner plus de 2 séquences

Sélectionner les séquences à **comparer** puis utiliser la commande «*Web Service/Alignment*» et **choisir** ensuite un programme d'alignement. Patienter avant que le serveur externe fournisse le résultat attendu.

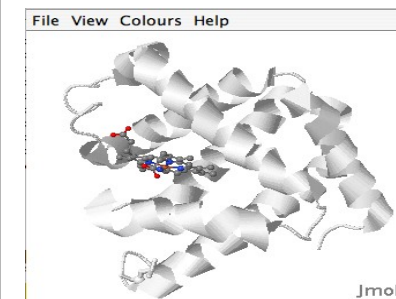
Lier une séquence à un modèle 3D

- Charger un modèle moléculaire

Cliquer avec le bouton droit de la souris sur la séquence à relier à un modèle 3D



Choisir ensuite les options *Structure/Associate Structure with Sequence* et **sélectionner** la source du fichier PDB. Pour **visualiser** la structure, choisir l'option *View structure* dans le même menu.

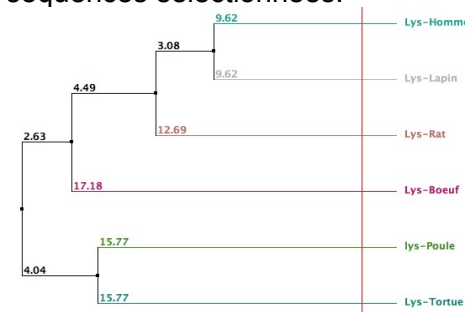


- Colorer le modèle selon la séquence liée

Dans la fenêtre de visualisation du modèle, choisir dans le menu *Colours* l'option *By sequence*.

Tracer un arbre de parenté

La commande *Calculate/Calculate Tree* permet de **tracer** un arbre à partir des séquences sélectionnées.



Charger un fichier

- **Charger** un fichier de séquence (extension *.aln*, *.pir*, *.pfam*) : dans la barre de menu principale choisir : *File > Input Alignment > From file*
- **Charger un projet Jalview** (extension *.jar*) : dans la barre de menu principale choisir : *File > Load project*