UTILISATION DE JALVIEW

Organisation de la Fenêtre de commande			Mettre en évidence avec des couleurs
File Edit Select View Format Colour Calculate Web Service		Colorer des alignements : Menu «Colour»	
70 80		90 100 110 120	- Pour visualiser toutes les mutations
Curseur	lys-Poule/1-147 GRTPGSRNLCNIPCS	ALLSSDITASVNCAKKIVSDGNGMNAWVAWRNRCKGTDVQAWIRGCRL	réaliser une coloration par type d'acide
Nom et	Lys-Homme/1-148 GKTPGAVNACHLSCS	ALLQON I ADAVACAKR VVR DPQG I RAWVAWR NR CONR DVRQYVQGCGV	aminé ou type de nucléotide : ClustalX,
longueur des	Lys-Lapin/1-130 GKTPRAVNACHIPCS		Zappo, Tavlor, Nucleotide
séquences	Lys-Boeuf/1-147	ELMENDIAKAVACAKHIVSE-QGITAWVAWKSHCRDHDVSSYVEGCTL	- Pour visualiser les zones conservées
Résidus en code —	Lys-Opossum/1-147 GKTPHAANECKVRCS	ELQEDDLVKAVNCAKKIVDQ-QGIRAWVAWRNKCEGKDLSKYLEGCHL	réaliser une coloration par degré de
à une lettre	Lys-Echidne /1-125 GKTPGSKNACNISCS	KLLDDDITDDLKCAKKIAGEAKGLTPWVAWKSKCRGHDLSKFKC	conservation : $BI OSI M62$ score
	Lys-Anophele/1-140 GYGSNDCKIACK	NULNDOITDOIKCAKLIHKR - HGENAWY GWKNHCNGKKLPNVSSCF	Percentage Identity
	Lys-scorpion/1-105 P GP HNDCGVRCS		L'ontion By Conservation permot
Histogramme du			d'augmenter le contracte entre les
degré de			
conservation (de 0 à	Conservation	a baalla ala da	couleurs anichees.
11) de chaque résidu	3 3 2 7 3 6 2 9 3 * 3 9 2 * 5	3*6459+42594***49326-55837*6+*1012111220010011	
Comparer des séquences		Lier une séquence à un modèle 3D	Tracer un arbre de parenté
	•	- Charger un modèle moléculaire	La commande Calculate/Calculate Tree
- Aligner des séquences par paires : sélectionner		Cliquer avec le bouton droit de la souris sur la	permet de tracer un arbre à partir des
les séquences à comparer puis utiliser la commande		séguence à relier à un modèle 3D	séquences sélectionnées.
«Calculate/Pairwise Alignment» pour calculer un		Lys-Homme, Lys-Homme I Lys-Romme I Lys-Lapin/1: Lys-Lapin/1: Lys-Lapin/1: Lys-Homme I Lys-Lapin/1: L	9.62 Lys-Homme
alignement des séguences deux à deux et un		Lys-Rat/1-1 Structure Associate Structure with Sequence From File	3.08
pourcentage de ressemblances (en bas de chaque		Lys-Dpossor File Sequences View Structure File PDB id V Lys-Truite/1-144 G TP GAK VCC CCC CSGLLTALLTVAL CAKE VVL PNG IG Discover PDB ids Y	9.62 Lys-Lapin
paire d'alignement : Percentage ID)		Choisir ensuite les options <i>Structure/Associate</i>	12.69 Lys-Rat
Lys-Homme KVFERCELARTLKRLGMDGYRGISLANWMCLAKWESGYNTRATNYNAGDRSTDYGIFOINS		Structure with Sequence et sélectionner la source du	2.03
Lys-Tortue KIYEQCELAREFKRHGMDGYHGYSLGDWVCTAKHESNFNTAATNYNRGDQSTDYGILQINS		fichier PDB Pour visualiser la structure choisir l'option	17.18 Lys-Boeuf
Lys-Homme RYWCNDGKTPGAVNACHLSCSALLQDNIADAVACAKRVVRDPQGIRAWVAWRNRCQNRDVR		View structure dans le même menu	
Lys-Tortue RWWCNDGKTPKAKNACGIECSELLKADITAAVNCAKRIVRDPNGMGAWVAWTKYCKGKDVS			15.77 lys-Poule
Lys-Homme QYVQGCGV		File View Colours Help	15.77
Lys-Tortue QWIKDCKL			
Percentage ID = 62.31			Charger un fichier de céquence
			- Charger un licitier de sequence
- Aligner plus de 2 séquences			(extension .ain, .pir, .piam) : dans la barre
Sélectionner les séquences à comparer puis utiliser			de menu principale choisir : File > Input
la commande «Web Service/Alignment» et choisir			Alighterit > FIOHI IIIt
ensuite un programme d'alignement. Patienter avant		Lak Imal	- Charger un projet Jaiview (extension
que le serveur externe fournisse le résultat attendu.		- Colorer le modèle selon la séquence liée	. jar). dans la parte de menu principale
		Dans la fenâtre de visualisation du modèle, choisir dans	choisin : <i>File > Load project</i>
		Lo monu Colours l'option Ru socuence	
		The menu colours roption by sequence.	