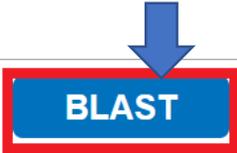


Utilisation de BLAST

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

Choix du type de séquence à étudier	Recherche de la présence d'une séquence d'intérêt dans différents génomes (ou protéomes)
<div data-bbox="125 379 546 596"><p>Nucleotide BLAST nucleotide ► nucleotide</p></div> <p data-bbox="564 443 994 539">➔ Moteur de recherche dans la banque de séquences nucléotidiques.</p> <div data-bbox="125 606 546 817"><p>Protein BLAST protein ► protein</p></div> <p data-bbox="564 635 994 730">➔ Moteur de recherche dans la banque de séquences protéiques.</p>	<div data-bbox="1106 274 2168 635"><p>Enter Query Sequence</p><p>Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) ? Clear Query subrange ?</p><p>Coller ici la séquence d'intérêt</p><p>From <input type="text"/></p><p>To <input type="text"/></p><p>Or, upload file <input type="button" value="Choisir un fichier"/> Aucun fichier choisi ?</p><p>Job Title <input type="text"/></p><p>Enter a descriptive title for your BLAST search ?</p><p><input type="checkbox"/> Align two or more sequences ?</p></div> <p data-bbox="1106 647 1603 676">Au bas de la page, lancer la recherche :</p> <div data-bbox="1115 683 2132 836"><p>Search database nr using Blastp (protein-protein BLAST)</p><p><input type="checkbox"/> Show results in a new window</p></div>
Quelques options de paramétrage de la requête	Lecture des résultats
<ul style="list-style-type: none">• Choix du taxon dans lequel effectuer la recherche : <div data-bbox="116 1040 1070 1232"><p>Standard</p><p>Database <input type="text" value="Non-redundant protein sequences (nr)"/> ?</p><p>Organism <input type="text" value=" taper le nom scientifique du taxon"/> <input type="checkbox"/> exclude <input type="button" value="Add organism"/></p><p>Optional Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown. ?</p><p>Exclude <input type="checkbox"/> Models (XM/XP) <input type="checkbox"/> Non-redundant RefSeq proteins (WP) <input type="checkbox"/> Uncultured/environmental sample sequences</p><p>Optional</p></div> <p data-bbox="107 1235 878 1264">À noter qu'il est possible d'exclure un taxon de la recherche ...</p> <ul style="list-style-type: none">• Choix de la taille des oligomères : <p data-bbox="107 1362 1070 1490">BLAST utilise un dictionnaire d'oligomères (oligopeptide ou oligonucléotides) d'une taille donnée. Il y a ressemblance si au moins un oligomère de taille 11 (par défaut, mais on peut le changer dans le menu « Algorithm parameters »).</p>	<ul style="list-style-type: none">• Affichage des résultats : les séquences répertoriées dans les bases de données présentant des alignements significatifs avec la séquence testée.• BLAST calcule des scores d'alignement : pour deux séquences données, le meilleur alignement est celui qui donne le score le plus élevé avec si possible le pourcentage d'identité le plus élevé.• Per. ident : Plus le pourcentage d'identité est élevé, plus les 2 séquences sont similaires. Au-dessus de 50 %, le résultat est considéré comme fiable.• La e-valeur représente le nombre de résultats qu'on s'attendrait à obtenir au hasard, en fonction des paramètres utilisés pour un programme.• L'onglet « Descriptions » permet de repérer la (les) séquence(s) présentant le plus de similitudes avec la séquence d'intérêt.• L'onglet « Taxonomy » donne la position des organismes dans la classification du vivant.