

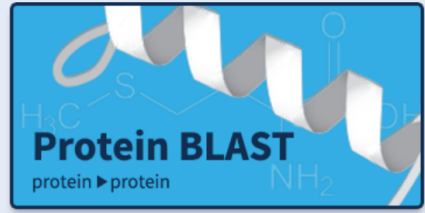




Utilisation de BLAST  
<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

Choix du type de séquence à étudier	Recherche de la présence d'une séquence d'intérêt dans différents génomes (ou protéomes)
<div data-bbox="125 379 548 595"><p>Nucleotide BLAST nucleotide ► nucleotide</p></div> <div data-bbox="566 475 638 518" data-label="Image"></div> <div data-bbox="627 442 994 539" data-label="Text"><p>Moteur de recherche dans la banque de <b>séquences nucléotidiques</b>.</p></div> <div data-bbox="125 604 548 817"><p>Protein BLAST protein ► protein</p></div> <div data-bbox="566 660 638 703" data-label="Image"></div> <div data-bbox="627 630 994 727" data-label="Text"><p>Moteur de recherche dans la banque de <b>séquences protéiques</b>.</p></div>	<div data-bbox="1104 272 2179 635"><p>Enter Query Sequence</p><p>Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) ? Clear      Query subrange ?</p><div data-bbox="1128 352 1800 456"><p>Coller ici la séquence d'intérêt</p></div><p>From <input type="text"/></p><p>To <input type="text"/></p><p>Or, upload file      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>Au bas de la page, lancer la recherche :</p> <div data-bbox="1115 683 2179 842"><div data-bbox="1115 683 1355 842"> <b>BLAST</b></div><div data-bbox="1400 767 2179 842"><p>Search database nr using Blastp (protein-protein BLAST)</p><p><input type="checkbox"/> Show results in a new window</p></div></div>
Quelques options de paramétrage de la requête	Lecture des résultats
<ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Choix du taxon</b> dans lequel effectuer la recherche :<div data-bbox="107 1018 1075 1206"><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"/> 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></div><p>A noter qu'il est possible d'exclure un taxon de la recherche ...</p></li><li>• <b>Choix de la taille des oligomères :</b><p>BLAST utilise un dictionnaire d'<b>oligomères</b> (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 « <b>Algorithm parameters</b> »).</p></li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Affichage des résultats</b> : les séquences répertoriées dans les bases de données présentant des alignements significatifs avec la séquence testée.</li><li>• BLAST calcule des <b>scores d'alignement</b>. Pour chaque alignement le score évalue la pertinence de cet alignement (probabilité qu'il soit dû au hasard).</li><li>• La <b>e-valeur</b> représente le nombre de résultats qu'on s'attendrait à obtenir au hasard, en fonction des paramètres utilisés pour un programme.</li><li>• L'onglet « <b>Descriptions</b> » permet de repérer la (les) séquence(s) présentant le plus de similitudes avec la séquence d'intérêt.</li><li>• L'onglet « <b>Taxonomy</b> » donne la position des organismes dans la classification du vivant.</li></ul>