

# FT : UTILISATION DE LA BANQUE GENETIQUE NCBI-BLAST

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

La technique du BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) consiste à rechercher la présence d'une séquence d'intérêt (nucléotidique ou protéique) dans le génome de différentes espèces. Il faut donc charger la séquence connue puis choisir la ou les espèces chez lesquelles on veut réaliser la recherche. Le résultat affiche la liste des séquences les plus proches de la séquence connue, avec leur localisation chromosomique et le pourcentage de similitude.

 <p><b>Nucleotide BLAST</b> nucleotide ► nucleotide</p>	<p><b>blastx</b> translated nucleotide ► protein</p> <p><b>tblastn</b> protein ► translated nucleotide</p>	 <p><b>Protein BLAST</b> protein ► protein</p>	<p>Choisir « Nucléotide BLAST » pour travailler sur les séquences d'ADN (nucléotidiques) Choisir « Protein BLAST » pour travailler sur les séquences protéiques</p>																																																																								
<p><b>Ou, télécharger le fichier</b> <b>Titre de l'emploi</b></p>	<p>Choisir un fichier <span>Aucun fichier n'a été sélectionné</span></p> <p>Entrez un titre descriptif pour votre recherche BLAST</p>	<p>Pour charger la séquence connue à partir de laquelle on veut faire une recherche</p>																																																																									
<p><b>Organisme facultatif</b></p>	<p>Homo sapiens (taxid:9606) <input type="checkbox"/> Exclure <input type="button" value="+"/></p> <p>Entrez le nom commun de l'organisme, binomial, ou id fiscal. Seuls 20 taxons haut seront affichés</p>	<p>Pour choisir l'espèce chez laquelle on veut rechercher des séquences proches (ici Homo sapiens)</p>																																																																									
<p><b>BLAST</b></p>		<p>Pour lancer la recherche</p>																																																																									
<p><b>Séquences produisant des alignements significatifs</b> <span>Télécharger</span> <span>Nouveau</span> <span>Sélectionnez colonnes</span> <span>Montrer</span></p> <p><input checked="" type="checkbox"/> sélectionner tous les 100 séquences sélectionnées <span>GenBank (GenBank)</span> <span>Graphiques</span> <span>Arbre de distance des résultats</span> <span>Nouveau</span> <span>Visionneuse MSA</span></p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Description</th> <th>Nom scientifique</th> <th>Score maximum</th> <th>Total Score</th> <th>Couverture de requête</th> <th>Valeur E</th> <th>Par. Ident</th> <th>Acc. Len</th> <th>Adhésion</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td><input checked="" type="checkbox"/> Séquence humaine d'ADN du clone RP13-383K5 sur le chromosome Xq22.1-24. séque...</td> <td>Homo sapiens</td> <td>2837</td> <td>2837</td> <td>100%</td> <td>0.0</td> <td>98.10%</td> <td>162579</td> <td>AL390039.10 AL390039.10</td> </tr> <tr> <td><input checked="" type="checkbox"/> Chromosome humain 14 Séquence d'ADN BAC R-857B24 de bibliothèque RPCI-11 du ...</td> <td>Homo sapiens</td> <td>2410</td> <td>2410</td> <td>100%</td> <td>0.0</td> <td>93.37%</td> <td>205035</td> <td>AL049870.3</td> </tr> <tr> <td><input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens FOSMID clone ABC10-45534600M1 du chromosome 18. séquence com...</td> <td>Homo sapiens</td> <td>2405</td> <td>2405</td> <td>100%</td> <td>0.0</td> <td>93.37%</td> <td>42563</td> <td>AC203657.2</td> </tr> <tr> <td><input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens FOSMID clone ABC12-46737400E22 du chromosome inconnu. séquenc...</td> <td>Homo sapiens</td> <td>2399</td> <td>2399</td> <td>100%</td> <td>0.0</td> <td>93.31%</td> <td>38771</td> <td>AC241258.1</td> </tr> <tr> <td><input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens chromosome 18. clone RP11-2E13. séquence complète</td> <td>Homo sapiens</td> <td>2399</td> <td>2399</td> <td>100%</td> <td>0.0</td> <td>93.31%</td> <td>166700</td> <td>AC013759.6</td> </tr> <tr> <td><input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens isoler individuel 71 allèle Un virus endogène HERV-W enveloppe gène gl...</td> <td>Homo sapiens</td> <td>2388</td> <td>2388</td> <td>100%</td> <td>0.0</td> <td>93.25%</td> <td>3658</td> <td>AH013146.2 AH013146.2</td> </tr> <tr> <td><input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens isoler individuel 78 allèle Un virus endogène HERV-W enveloppe gène gl...</td> <td>Homo sapiens</td> <td>2388</td> <td>2388</td> <td>100%</td> <td>0.0</td> <td>93.25%</td> <td>3658</td> <td>AH013130.2</td> </tr> </tbody> </table>			Description	Nom scientifique	Score maximum	Total Score	Couverture de requête	Valeur E	Par. Ident	Acc. Len	Adhésion	<input checked="" type="checkbox"/> Séquence humaine d'ADN du clone RP13-383K5 sur le chromosome Xq22.1-24. séque...	Homo sapiens	2837	2837	100%	0.0	98.10%	162579	AL390039.10 AL390039.10	<input checked="" type="checkbox"/> Chromosome humain 14 Séquence d'ADN BAC R-857B24 de bibliothèque RPCI-11 du ...	Homo sapiens	2410	2410	100%	0.0	93.37%	205035	AL049870.3	<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens FOSMID clone ABC10-45534600M1 du chromosome 18. séquence com...	Homo sapiens	2405	2405	100%	0.0	93.37%	42563	AC203657.2	<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens FOSMID clone ABC12-46737400E22 du chromosome inconnu. séquenc...	Homo sapiens	2399	2399	100%	0.0	93.31%	38771	AC241258.1	<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens chromosome 18. clone RP11-2E13. séquence complète	Homo sapiens	2399	2399	100%	0.0	93.31%	166700	AC013759.6	<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens isoler individuel 71 allèle Un virus endogène HERV-W enveloppe gène gl...	Homo sapiens	2388	2388	100%	0.0	93.25%	3658	AH013146.2 AH013146.2	<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens isoler individuel 78 allèle Un virus endogène HERV-W enveloppe gène gl...	Homo sapiens	2388	2388	100%	0.0	93.25%	3658	AH013130.2	<p><b>Exemple de résultat</b></p> <p>A chaque ligne correspond une séquence proche de celle connue La localisation chromosomique est parfois indiquée dans le nom de la séquence La colonne « Par ident » indique le pourcentage de similitude</p>
Description	Nom scientifique	Score maximum	Total Score	Couverture de requête	Valeur E	Par. Ident	Acc. Len	Adhésion																																																																			
<input checked="" type="checkbox"/> Séquence humaine d'ADN du clone RP13-383K5 sur le chromosome Xq22.1-24. séque...	Homo sapiens	2837	2837	100%	0.0	98.10%	162579	AL390039.10 AL390039.10																																																																			
<input checked="" type="checkbox"/> Chromosome humain 14 Séquence d'ADN BAC R-857B24 de bibliothèque RPCI-11 du ...	Homo sapiens	2410	2410	100%	0.0	93.37%	205035	AL049870.3																																																																			
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens FOSMID clone ABC10-45534600M1 du chromosome 18. séquence com...	Homo sapiens	2405	2405	100%	0.0	93.37%	42563	AC203657.2																																																																			
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens FOSMID clone ABC12-46737400E22 du chromosome inconnu. séquenc...	Homo sapiens	2399	2399	100%	0.0	93.31%	38771	AC241258.1																																																																			
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens chromosome 18. clone RP11-2E13. séquence complète	Homo sapiens	2399	2399	100%	0.0	93.31%	166700	AC013759.6																																																																			
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens isoler individuel 71 allèle Un virus endogène HERV-W enveloppe gène gl...	Homo sapiens	2388	2388	100%	0.0	93.25%	3658	AH013146.2 AH013146.2																																																																			
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens isoler individuel 78 allèle Un virus endogène HERV-W enveloppe gène gl...	Homo sapiens	2388	2388	100%	0.0	93.25%	3658	AH013130.2																																																																			