**TP 1 : Recherche par BLAST(*Basic Local Alignment Search Tool* ) ou NCBI *(National Cancer for Biology Information)***

*BLAST:* programme pour la recherche de similarités dans les bases de données

\_ utilise un algorithme très rapide pour construire des alignements locaux

approchés

\_ séquences nucléiques et protéiques

\_ connecté aux principales banques de données

**Versions de BLAST : différents programmes BLAST pour différentes comparaisons :**

* blastp: protéine *vs.*protéine. •blastn: utile pour le non-codant.
* •blastx: séquences co-dantesnon identifiées. •tblastn: homologues dans un génome non complètement annoté.

Séquence

Banque

blastp

blastn

Blastx

**blastn**

**blastx**

 Protéique Protéique

 Nucléique Nucléique

 **Application :**  Il s’agit d’aligner, via internet des séquences nucléiques ou protéiques

* Ouvrir le navigateur et accéder à la page d’accueil BLAST, puis le chois de types de recherche ex BLAST P (figure 1)

**Recherche par Blast au NCBI**



**figure 1 : Recherche par Blast**

**Choix des paramètres :**



* Ici on peut voir un champ de texte pour entrer la séquence de requêtes FASTA

Le format FASTA : est un format de séquence le plus simple qui commence par un symbole > suivi de l’ID de séquence,

* Enter une séquence de protéine (nucléotides) informatisée dans la boite fournis.

**Choix des paramètres avancés**

****

* Maintenant, appuyer sur le bouton BlAST pour obtenir le résultat.

**Résultats du BLAST :**



**Résultats du BLAST : Domaines conservés**



**Résultats du BLAST : Vue graphique**

****

**Résultats du BLAST : Descriptions**

****

**Résultats du BLAST : Alignements locaux**

****

**Rapport montre les résultats de BLAST**

L’alignement est précédé des identités de séquence, la longueur de la séquence correspondante, suivie de score et de la valeur E .la ligne contient également les informations sue les résidus identiques dans la alignement (identité) , le nombre d’espéces utilisés dans l’alignement .

**TP 2 : alignement des séquences (EBI:** ***European Bioinformatics Institute)***

**Application :** il s’agit d’aligner, via internet deux séquences nucléiques ou protéiques

**Etape 1** allez a la page http : // WWW .ebi .ac.uk/tools

**Etape 2 :** un menu déroulant va s’ouvrir .il faut passer le pointeur de la souris sur ***Séquences analyses*** pour découvrir un second menu . sur ce second menu, cliquer sur ClustalW2

**Etape 3 :** en bas de la fenêtre qui s’ouvre, insérer les deus séquences en leur donna chacune un nom significatif de la séquence. **Ce nom doit commencer par le symbole > supérieur**

**Etape 4 :** cliquer sur le bouton **RUN** pour lancer l’alignement

**Etape 5 :** lecture de résultat. En début de la page de résultat, il y a lieu de constater la valeur du score globale .

 **Le format FASTA**

Utilisé par les logiciels d'analyse de séquence

 Une ligne de commentaires précédée de « > »

 La séquence brute (pas d'espace, ni de nombre)

|  |
| --- |
| >Human Polycomb 2 homolog (hPc2) mRNA, partial cdsctccggcagcccgaggtcatcctgctagactcagacctggatgaacccatagacttgcgctcggtcaagagccgcagcgaggccggggagccgcccagctccctccaggtgaagcccgagacaccggcgtcggcggcggtggcggtggcgGcggcagcggcacccaccacgacggcggagaagcct |
| >hPc2 geneggacgaacctgcagagtcgctgagcgagttcaagcccttctttgggaatataattatcaccgacgtcaccgcgaactgcctcaccgttactttcaaggagtacgtgacggtg |