Université Mohamed Khider, Biskra
Faculté des Sciences Exactes et de la Nature et de la Vie
Département SNV

Master 1
Cours de Bioinformatique

Année universitaire: 2019-2020

Programme du module

Chapitre 1:Initiation à la conception des bases de données.

Chapitre 2: Banques de données biologiques (génomiques, protéiques et bibliographiques).

Chapitre 3: Alignement des séquences biologiques (séquences génomiques et protéique).

Chapitre 4: Motifs nucléiques (Matrice de poids).

Chapitre 5: Prédiction de structure tridimensionnelle des protéines (Algorithmes de première et deuxième génération).

Chapitre 6: Initiation à la phylogénie moléculaire.

❖**Introduction:**

La bioinformatique, nouvellement incluse dans les systèmes d'enseignement biologiques (elle émerge dans les années 1980). C'est une discipline qui permet l'analyse et l'interprétation des informations biologiques contenues soit dans génome (séquences ADN, ARN) soit dans le protéome. On peut également la définir comme étant la discipline de l'analyse" *in silico* " de l'information biologique contenue dans les séquences nucléiques et protéiques.

❖**Objectifs:**

Elle est devenue l'outil par excellence pour :

- interpréter les données biomoléculaires,
- analyser la structure des molécules,
- confronter cette structure au reste des molécules existantes dans des bases de données biologiques,
- prédire le rôle et la fonction de cette structure, …

Domaine et utilisation:

Elle s'intéresse aux données du :

- génome (totalité du matériel génétique de la cellule),
- transcriptome (ARNm transcrits),
- protéome (l'ensemble des protéines bio synthétisées),
- métabolome (molécules organiques telles que lipides, glucides, faisant partie des activités métaboliques de la cellule vivante).

Chapitre 2 : Les Banques Et Bases De Données Biologiques

Introduction :

L'utilisation de l'Internet pour la recherche de l'information biologique est d'actualité. Si la méthode n'est pas structurée, le chercheur de l'information aura le sentiment d'être perdu au sein de cette gigantesque toile d'araignée qui est le web.

C'est pour cela qu'une structuration et une modélisation de la méthode de recherche s'imposent. Cela permet, en effet de gagner énormément de temps et d'effectuer des recherches plus spécifiques

Il nous faut distinguer deux choses :

qu’est ce qu’une base de données (BD) ?
différence entre banque de données et base de données ?

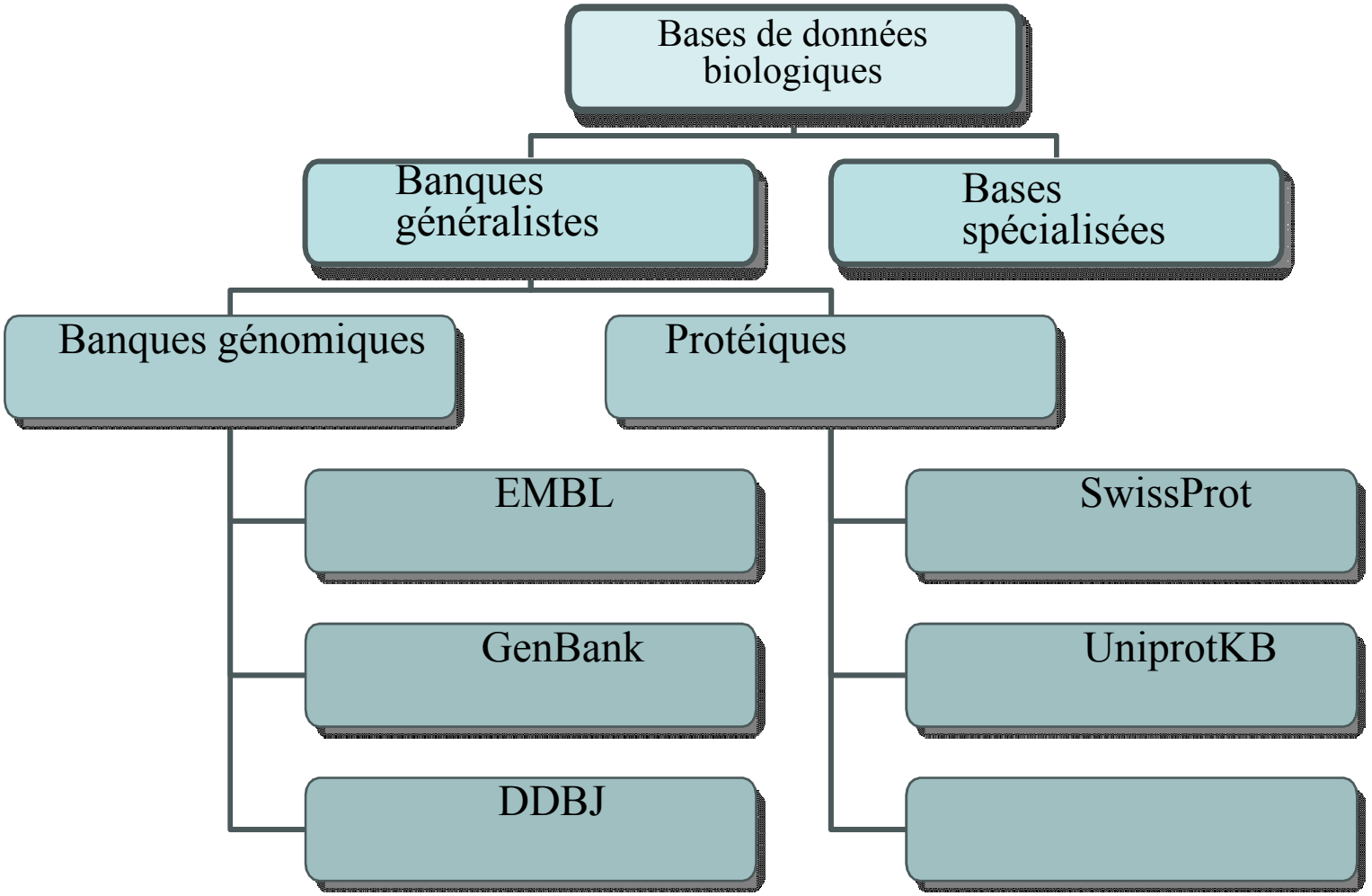
Une **base de données**, usuellement abrégée en *BD* ou *BDD* ,
Une base de données est un fichier ou un ensemble de fichiers permettant le stockage permanent ou temporaire des informations ainsi que l'accès à ces informations devenues structurées (http://www.webadev.com/lexique-b-base-de-donnees.php).

C’est un tableau dans lequel on intègre des informations de manière logique et structurée comme la liste d’un groupe d’étudiants :

Différence entre bases de données et banques de données

Il convient de dire qu'une banque de données est une base de données (car tableau structuré) mais qui contient des informations biologiques hétérogènes (virus, bactéries, champignons, végétaux, animaux) alors qu'une base de données est plus spécialisée (base spécifique à *E. coli*, à *Bacillus*, etc.).

Les Banques Et Bases De Données Biologiques



1. **GenBank de NCBI (National Center for Biotechnology Information) :**

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/. Créée par IntelliGenetics en 1982. jusqu'en octobre 2004 elle contenait 38 941 263 entrées (ou séquences par auteur)

- **EMBL** de EMBO (**E**uropen **M**oleculary **B**iology **O**rganization): http://www.ebi.ac.uk/embl/ . La banque EMBL contient 44 538 943 entrées jusqu'en octobre 2004.
- **DDBJ** : **D**na **D**ata **B**ase of **J**apan : http://www.ddbj.nig.ac.jp/searches-e.html Créeé en 1986 et diffusée par NIG (National Institute of Genetics, Japan). En octobre 2004, elle contenait 37 926 117 entrées.

Les bases de données

- Différentes catégories de bases de données :

Bases de données bioinformatiques

Bases généralistes
-banque N
-banque P

Bases spécialisées

Banques génomiques

Banques fonctionnelles :
-transcriptome
-protéome
-métabolome…

Difficultés !!
-Harmoniser le classement des informations
-Utiliser un langage commun pour échanger des informations entre toutes ces bases

Les bases de données

- Harmonisation des fiches de données

Exemple de la fiche GENBANK d'un plasmide d'*E.faecalis*

```
LOCUS       KC297657                673 bp    DNA     linear   BCT 18-MAR-2013
DEFINITION  Enterococcus faecalis strain 493/96 plasmid OrfC gene, partial cds;
            RNAI (rnaI) and RNAII (rnaII) genes, complete sequence; and OrfD
            gene, partial cds.
ACCESSION   KC297657
VERSION     KC297657.1  GI:460758767
KEYWORDS    .
SOURCE      Enterococcus faecalis
  ORGANISM  Enterococcus faecalis
            Bacteria; Firmicutes; Bacilli; Lactobacillales; Enterococcaceae;
            Enterococcus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 673)
  AUTHORS   Wardal,E., Sadowy,E. and Hryniewicz,W.
  TITLE     Diversity of plasmid-associated genes among Enterococcus faecalis
            clinical isolates
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 673)
  AUTHORS   Wardal,E. and Sadowy,E.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (10-DEC-2012) Molecular Microbiology, National Medicines
            Institute, Chelmska 30/34, Warsaw 00-725, Poland
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
```

Les bases de données

- Harmonisation des fiches de données

Suite de la fiche GENBANK d'un plasmide d'*E.faecalis*

```
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..673
                     /organism="Enterococcus faecalis"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /strain="493/96"
                     /isolation_source="hospitalized patient"
                     /host="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:1351"
                     /plasmid="unnamed"
                     /country="Poland"
                     /PCR_primers="fwd_name: par-F, fwd_seq:
                     ccatgcactactaggcaacc, rev_name: par-R, rev_seq:
                     ctgtctagcaagcagagttacg"
     CDS             <1..65
                     /codon_start=3
                     /transl_table=11
                     /product="OrfC"
                     /protein_id="AGH14172.1"
                     /db_xref="GI:460758768"
                     /translation="YKCSWCKRVYTLRKDHKTAR"
     gene            90..334
                     /gene="rnaI"
     misc_RNA        90..334
                     /gene="rnaI"
                     /product="RNAI"
                     /note="par toxin"
```

Les bases de données

- Harmonisation des fiches de données

Fin de la fiche GENBANK d'un plasmide d'*E.faecalis*

```
ORIGIN
        1 agtataaatg ttcctggtgt aaacgagttt acacgcttag aaaagatcat aaaacagcta
       61 gataaattgt tgaaggtttt attattgaat tggcagaatt tcaatctatg ctataattaa
      121 tacggcagct cgcctcgatt ggaggtgtgt tatttgtgaa agatttaatg tcgttggtta
      181 tcgcaccaat ctttgtagga ttggttctgg aaatgatttc tcgtgtgttg gacgaggaag
      241 acgatagccg aaagtaagct gctatcaaca cacacgctag aagtcgcaac tagtgtaaaa
      301 aaaagcaatc ctattcgccg taggattgct ttttgtgtta tctgtacgat ttaatgtcgt
      361 ttcgcacttt tagtatagca tatttttatt ttgggtcaag ttttgtgact atgcaggaat
      421 tggtaaagaa tacagtggta gcaattttca tcgatgctat tttattaata aaatagtagt
      481 agaaaaatat atttattgat aaacttatag ttatgaatct gtatagttag ttataataat
      541 tggtattttt ttaggaaaat ttgagctttt gaattgaata agaaggagtg attttatgga
      601 tttaaagtac aatgtttttg gtaattcaat gtattctttg aaagaaatgg agctaattca
      661 actagcttca caa
//
```

Les bases de données

- Harmonisation des fiches de données

En résumé, une fiche comporte de nombreuses informations :

Locus	Identificateur (nom et taille de la séquence)
Definition	Description de la séquence
Accession / version	Numéro d'accès dans la base
Keyword / Source / Organism / Reference / Authors / Title / Journal	Informations diverses (taxonomie, publications…)
Features	Caractéristiques de la séquence / produits d'expression
Origin	Séquence (par blocs de caractères / par lignes)
//	Fin de l'entrée dans la base

Les bases de données

- Format commun de manipulation des données : le format FASTA (Fast – alignment)

Objectif : **manipuler facilement** des séquences dans les bases de données, à l'aide d'un **format universel**, compatibles avec les traitements de texte (sous forme de fichier texte), ou par copier – coller.

Exemple de la fiche précédente du plasmide d'*E.faecalis* en format FASTA :

```
>gi|460758767|gb|KC297657.1| Enterococcus faecalis strain 493/96 plasmid OrfC
gene, partial cds; RNAI (rnaI) and RNAII (rnaII) genes, complete sequence; and
OrfD gene, partial cds
AGTATAAATGTTCCTGGTGTAAACGAGTTTACACGCTTAGAAAAGATCATAAAACAGCTAGATAAATTGT
TGAAGGTTTTATTATTGAATTGGCAGAATTTCAATCTATGCTATAATTAATACGGCAGCTCGCCTCGATT
GGAGGTGTGTTATTTGTGAAAGATTTAATGTCGTTGGTTATCGCACCAATCTTTGTAGGATTGGTTCTGG
AAATGATTTCTCGTGTGTTGGACGAGGAAGACGATAGCCGAAAGTAAGCTGCTATCAACACACACGCTAG
AAGTCGCAACTAGTGTAAAAAAAAGCAATCCTATTCGCCGTAGGATTGCTTTTTGTGTTATCTGTACGAT
TTAATGTCGTTTCGCACTTTTAGTATAGCATATTTTTATTTTGGGTCAAGTTTTGTGACTATGCAGGAAT
TGGTAAAGAATACAGTGGTAGCAATTTTCATCGATGCTATTTTATTAATAAAATAGTAGTAGAAAAATAT
ATTTATTGATAAACTTATAGTTATGAATCTGTATAGTTAGTTATAATAATTGGTATTTTTTTAGGAAAAT
TTGAGCTTTTGAATTGAATAAGAAGGAGTGATTTTATGGATTTAAAGTACAATGTTTTTGGTAATTCAAT
GTATTCTTTGAAAGAAATGGAGCTAATTCAACTAGCTTCACAA
```

Les bases de données

- Format commun de manipulation des données :
  le format FASTA (Fast – alignment)

Remarques :

-Les bases nucléotidiques ne référencient que des **monobrins d'ADN** (même si la séquence soumise est de l'ADN bicaténaire ou de l'ARN)

→ **la séquence est toujours dans le sens 5'P – 3'OH**

-Les séquences nucléotidiques selon le degré de précision de l'enregistrement seront écrites le plus souvent avec **A,T, C et G** et/ou avec **R,Y** (base pu**R**ique A et G / base p**Y**rimidique C et T) et/ou **K,M** (base **K**eto G et T / base a**M**ino A et C).

-Les bases protéiques sont référencées :

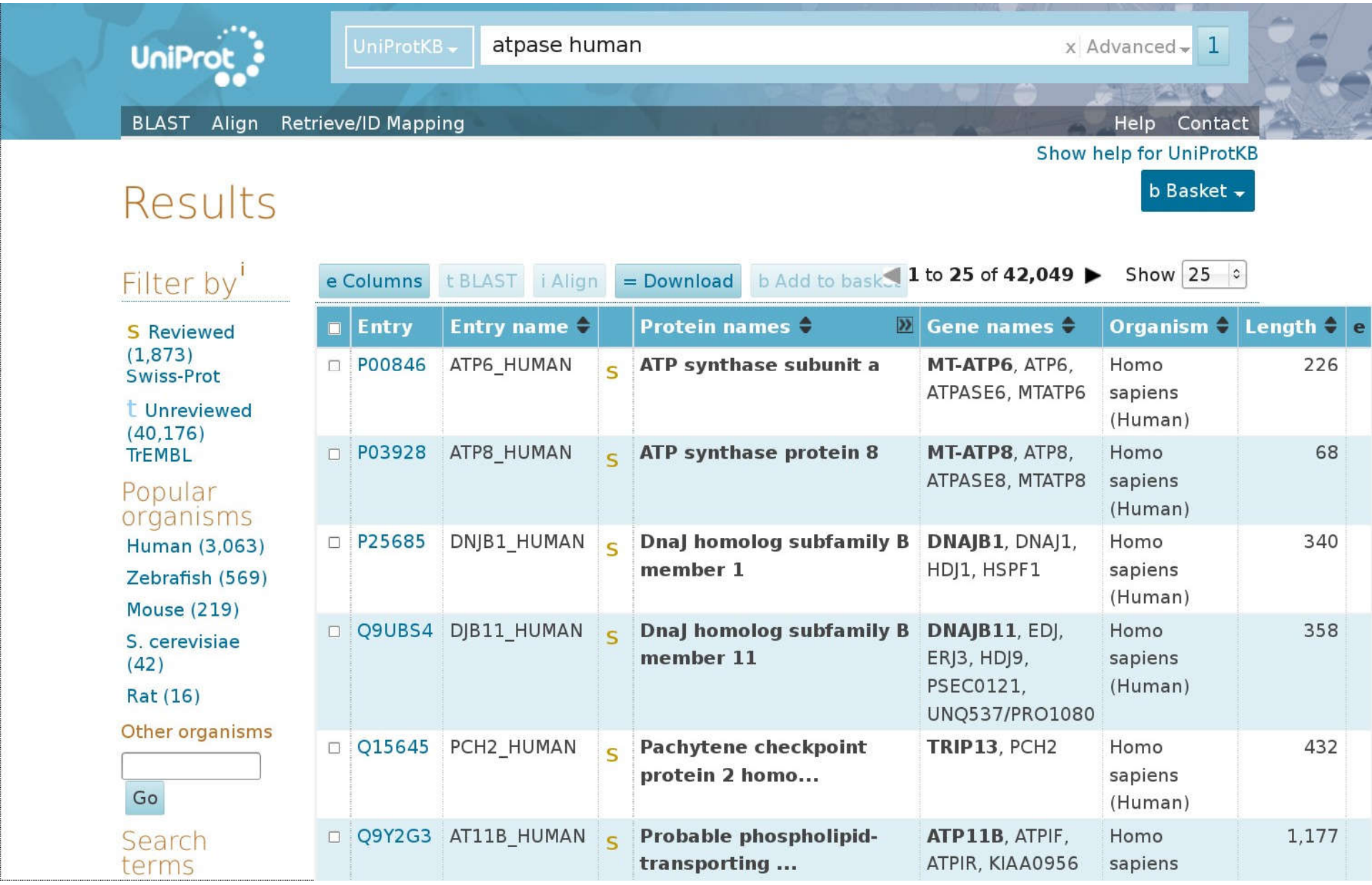
→ **avec la séquence dans le sens N vers C terminal**

→ **avec le symboles d'acides aminés à 1 lettre**

Uniprot

- **Uniprot**
  - http://www.uniprot.org/
- Les données proviennent de deux sources :
  - La base de données SwissProt, remplie manuellement à partir de publications
  - La traduction automatique des séquences d'ADN issues de la base EMBL
    - Il est plus facile de séquencer un gène qu'une protéine !
- Recherche principalement par nom de gène ou de protéine, et ou nom d'espèce

UniprotKB


UniProt
UniProtKB
atpase human
x Advanced
1
BLAST Align Retrieve/ID Mapping
Help Contact
Show help for UniProtKB
b Basket
Results
Filter by
S Reviewed (1,873) Swiss-Prot
t Unreviewed (40,176) TrEMBL
Popular organisms
Human (3,063)
Zebrafish (569)
Mouse (219)
S. cerevisiae (42)
Rat (16)
Other organisms
Go
Search terms
e Columns
t BLAST
i Align
= Download
b Add to basket
1 to 25 of 42,049
Show 25
Entry
Entry name
Protein names
Gene names
Organism
Length
P00846 ATP6_HUMAN S ATP synthase subunit a MT-ATP6, ATP6, ATPASE6, MTATP6 Homo sapiens (Human) 226
P03928 ATP8_HUMAN S ATP synthase protein 8 MT-ATP8, ATP8, ATPASE8, MTATP8 Homo sapiens (Human) 68
P25685 DNJB1_HUMAN S DnaJ homolog subfamily B member 1 DNAJB1, DNAJ1, HDJ1, HSPF1 Homo sapiens (Human) 340
Q9UBS4 DJB11_HUMAN S DnaJ homolog subfamily B member 11 DNAJB11, EDJ, ERJ3, HDJ9, PSEC0121, UNQ537/PRO1080 Homo sapiens (Human) 358
Q15645 PCH2_HUMAN S Pachytene checkpoint protein 2 homo... TRIP13, PCH2 Homo sapiens (Human) 432
Q9Y2G3 AT11B_HUMAN S Probable phospholipid-transporting ... ATP11B, ATPIF, ATPIR, KIAA0956 Homo sapiens 1,177

PDB

- PDB (BrookHaven Protein DataBank)
  - http://www.rcsb.org
  - **Séquences et structures des protéines**
  - Visualisation en 3D
  - Les données proviennent de cristallographie, de RMN,...
  - Pour certaines protéines, plusieurs structures sont disponibles
    - Structure de la protéine seule ou avec ligand
    - Structure de la protéine dans différents milieux
    - Structure obtenue avec des méthodes expérimentales différentes

Home Hide
- News & Publications
- Policies
- FAQ
- Contact
- Feedback
- About Us

Deposition Hide
- All Deposit Services
- Electron Microscopy
- NMR
- Validation Server
- BioSync Beamline
- Related Tools

Search Hide
- Advanced Search
- Latest Release
- Latest Publications
- Sequence Search
- Ligand Search
- Unreleased Entries
- Browse Database
- Histograms

Explorer:

315 Structure Hits | 9 Unreleased Structures | 158 Citations | 231 Ligand Hits | 107 Web Page Hits | GO Hits | SCOP Hits | CATH Hits

Advanced Keyword Query for: MAP KINASE Query Options:

Display/Download: Generate Reports: Sort by: Results per Page:

Displaying results 1 - 10 of 315 total | Page 1 of 32

3FXW **High resolution crystal structure of mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 3/inhibitor 2 complex**

Characteristics Release Date: 26-Jan-2010 Exp. Method: X-RAY DIFFRACTION
Resolution: 2.00 Å

Classification Transferase

Compound
Molecule: MAP kinase-activated protein kinase 3
Polymer: 1 **Type:** polypeptide(L) **Length:** 336
Chains: A
EC#: 2.7.11.1
Fragment: Kinase domain, UNP residues 33-349

Authors Cheng, R.K.Y., Barker, J., Palan, S., Felicetti, B., Whittaker, M., Hesterkamp, T.

3KGA **Crystal structure of MAPKAP kinase 2 (MK2) complexed with a potent 3-aminopyrazole ATP site inhibitor**

Summa | **Sequence** | Annotations | Seq. Similarity | 3D Similarity | Literature | Biol. & Chem. | Methods | Geometry | Links

Crystal structure of MAPKAP kinase 2 (MK2) complexed with a potent 3-aminopyrazole ATP site inhibitor

3KGA Display Files · Download Files · Share this Page

Sequence Display

The sequence display provides a graphical representation of the UniProtKB, PDB - ATOM and PDB - SEQRES sequences. Different 3rd party annotations can be graphically mapped on the sequence and displayed in the Jmol viewer.

The structure **3KGA** has in total **1** chains.

Currently viewing **unique chains** only. **show all chains**

Sequence & Structure Relationships

Display Jmol

Enable Jmol to view annotations in 3D.

Chain A : MAP kinase-activated protein kinase 2

FASTA | Sequence & DSSP | Image

Polymer 1
Length: 299 residues
Chain Type: polypeptide(L)
Reference: **UniProtKB** P49137

Display Parameters

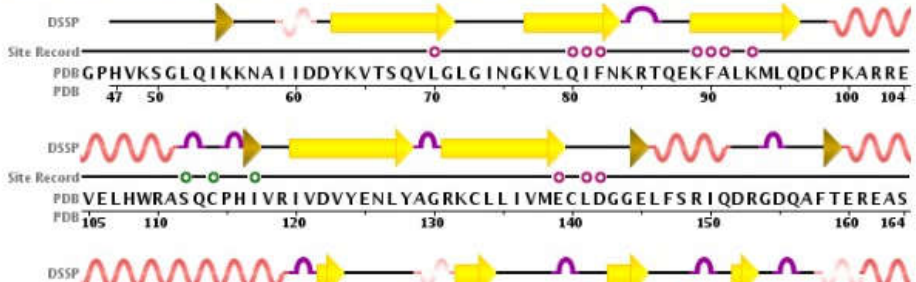
Currently displayed: **SEQRES sequence.**
Display external (UniProtKB) sequence

Mouse over an annotation to see more details. Click annotation to enable Jmol.

Annotations *Add Annotations* Select

Secondary Structure:**DSSP** [hide] [reference]
38% helical (15 helices; 116 residues)
19% beta sheet (14 strands; 57 residues)

Structural Feature:**Site Record** [hide] [reference]
3KGA_A_AC2_16 BINDING SITE FOR RESIDUE LX9 A 365 (SOFTWARE)
3KGA_A_AC1_4 BINDING SITE FOR RESIDUE MG A 1 (SOFTWARE)



PDB : structure secondaires

PDB : séquence des protéines

Summary | Sequence | Annotations | Seq. Similarity | 3D Similarity | Literature | Biol. & Chem. | Methods | Geometry | Links

Crystal structure of MAPKAP kinase 2 (MK2) complexed with a potent 3-aminopyrazole ATP site inhibitor

3KGA

Display Files
Download Files
Share this Page

Sequence Display

The sequence display provides a graphical representation of the UniProtKB, PDB - ATOM and PDB - SEQRES sequences. Different 3rd party annotations can be graphically mapped on the sequence and displayed in the Jmol viewer.

The structure **3KGA** has in total **1** chains.

Currently viewing **unique chains** only. **show all chains**

Sequence & Structure Relationships

Display Jmol

Enable Jmol to view annotations in 3D.

Chain A : MAP kinase-activated protein kinase 2

FASTA | Sequence & DSSP | Image

Polymer 1
Length: 299 residues
Chain Type: polypeptide(L)
Reference: **UniProtKB** P49137

Display Parameters

Currently displayed: **SEQRES sequence.**
Display external (UniProtKB) sequence

3KGA_A.fasta.txt [Lecture seule] (/tmp) - gedit

Fichier Édition Affichage Rechercher Outils Documents Aide

Ouvrir | Enregistrer | Annuler

3KGA_A.fasta.txt

```
>3KGA:A|PDBID|CHAIN|SEQUENCE
GPHVKSGLQIKKNAIIDDYKVTSQVLGLGINGKVLQIFNKRTQEKFALKMLQDCPKARREVELHWRASQCPHIVRIVDVY
ENLYAGRKCLLIVMECLDGGELFSRIQDRGDQAFTEREASEIMKSIGEAIQYLHSINIAHRDVKPENLLYTSKRPNAILK
LTDFGFAKETTGEKYDKSCDMWSLGVIMYILLCGYPPFYSNHGLAISPGMKTRIRMGQYEFPNPEWSEVSEEVKMLIRNL
LKTEPTQRMTITEFMNHPWIMQSTKVPQTPLHTSRVLKEDKERWEDVKEEMTSALATMR
```

PDB : structure tertiaires

Biological Assembly Image for 3KGA
Crystal structure of MAPKAP kinase 2 (MK2) complexed with a potent 3-aminopyrazole ATP site inhibitor

Domaine protéique:

Un **domaine protéique** est une partie d'une protéine capable d'adopter une structure de manière autonome ou partiellement autonome du reste de la molécule. C'est un élément modulaire de la structure des protéines qui peuvent ainsi être composées de l'assemblage de plusieurs de ces domaines

PROSITE

Permet d'accéder au motif du domaine

Technical section

PROSITE methods (with tools and information) covered by this documentation:

ABC_TM1, PS50928; ABC transporter integral membrane type-1 domain profile (MATRIX)

- Sequences in UniProtKB/Swiss-Prot known to belong to this class: 490
  - detected by PS50928: 490 (true positives)
  - undetected by PS50928: 0 (false negative or 'partial')
- Other sequence(s) in UniProtKB/Swiss-Prot detected by PS50928: NONE.
- Domain architecture view of Swiss-Prot proteins matching PS50928

Recherche des « architectures » (= suite de domaines) dans les protéines de la base Swiss Prot

- Retrieve an alignment of UniProtKB/Swiss-Prot true positive hits:
  Clustal format, color, condensed view / Clustal format, color / Clustal format, plain text / Fasta format
- Retrieve the sequence logo from the alignment
- Taxonomic distribution of all UniProtKB (Swiss-Prot + TrEMBL) entries matching PS50928
- Retrieve a list of all UniProtKB (Swiss-Prot + TrEMBL) entries matching PS50928
- Scan UniProtKB (Swiss-Prot and/or TrEMBL) entries against PS50928
- View ligand binding statistics of PS50928
- Matching PDB structures: 2ONK 2R6G 3DHW 3FH6 ... [ALL]

Recherche toutes les protéines Ayant ce domaine dans Uniprot

PROSITE

Permet d'accéder au motif du domaine

Technical section

PROSITE methods (with tools and information) covered by this documentation:

ABC_TM1, PS50928; ABC transporter integral membrane type-1 domain profile (MATRIX)

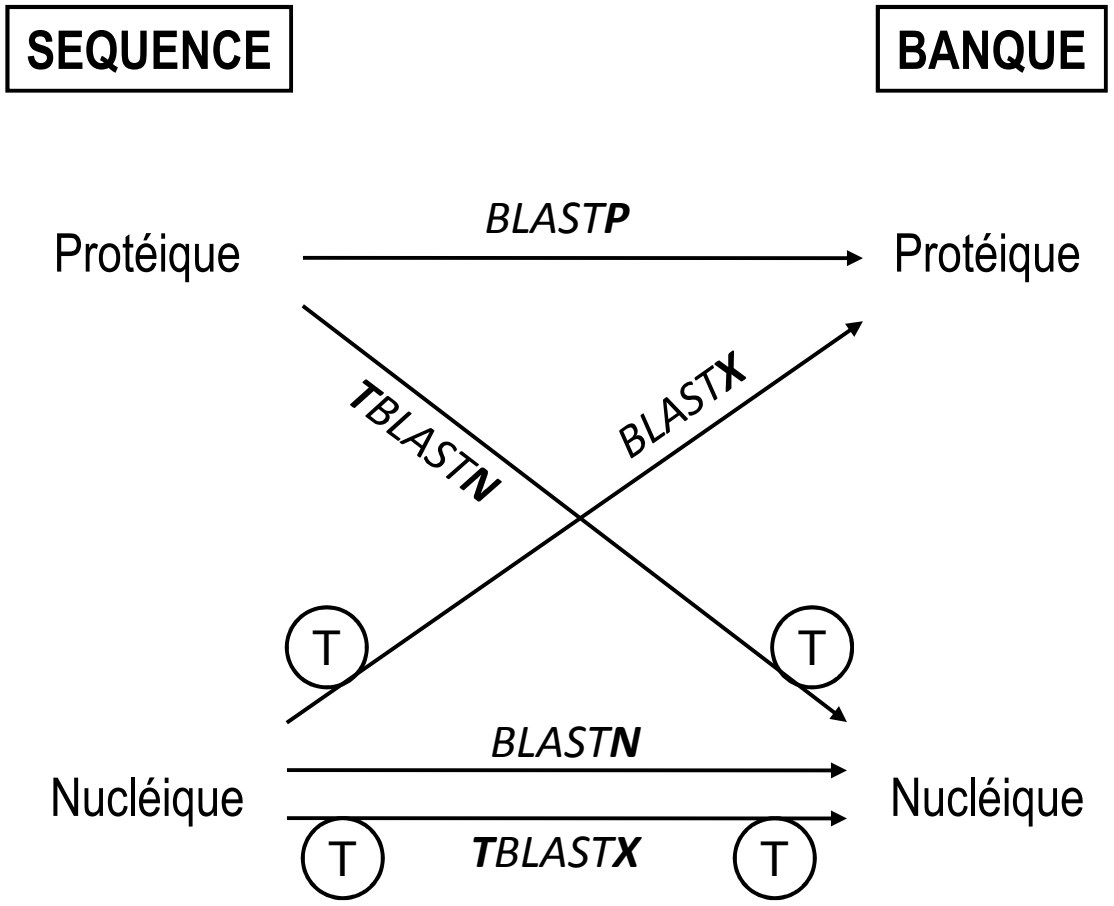
- Sequences in UniProtKB/Swiss-Prot known to belong to this class: 490
  - detected by PS50928: 490 (true positives)
  - undetected by PS50928: 0 (false negative or 'partial')
- Other sequence(s) in UniProtKB/Swiss-Prot detected by PS50928: NONE.
- Domain architecture view of Swiss-Prot proteins matching PS50928

Recherche des « architectures » (= suite de domaines) dans les protéines de la base Swiss Prot

- Retrieve an alignment of UniProtKB/Swiss-Prot true positive hits:
  Clustal format, color, condensed view / Clustal format, color / Clustal format, plain text / Fasta format
- Retrieve the sequence logo from the alignment
- Taxonomic distribution of all UniProtKB (Swiss-Prot + TrEMBL) entries matching PS50928
- Retrieve a list of all UniProtKB (Swiss-Prot + TrEMBL) entries matching PS50928
- Scan UniProtKB (Swiss-Prot and/or TrEMBL) entries against PS50928
- View ligand binding statistics of PS50928
- Matching PDB structures: 2ONK 2R6G 3DHW 3FH6 ... [ALL]

Recherche toutes les protéines Ayant ce domaine dans Uniprot

BLAST: Choix du programme



❖blastn, de nucléotides, séquence nucléotidique contre une base de données de séquences nucléotidiques.

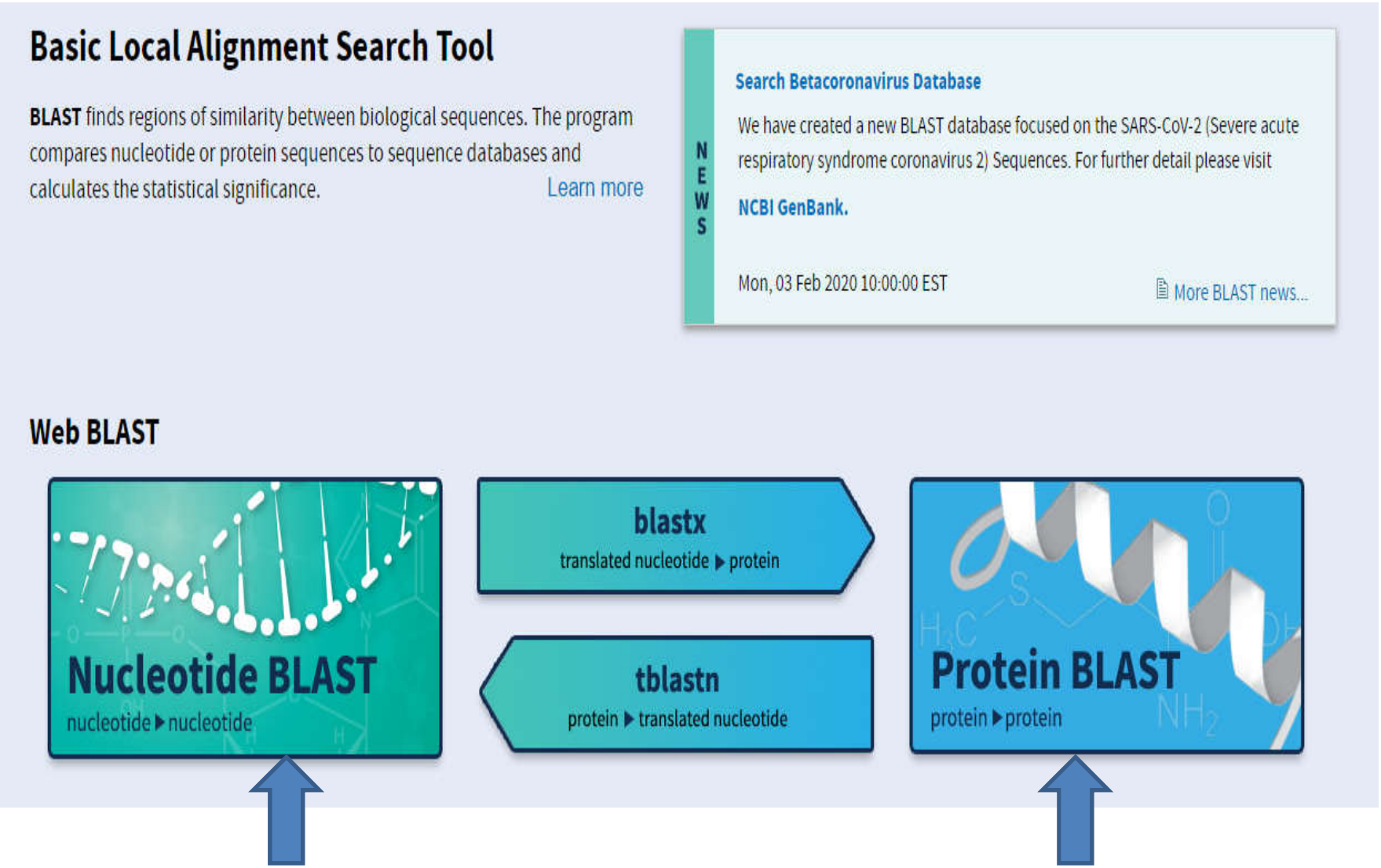
❖blastp, de protéines, séquence de protéine contre une base de données de séquences de protéines.

❖blastx, séquence nucléotidique traduite en séquence de protéine contre une base de données de séquences de protéines.

❖tblastn, séquence de protéine contre une base de données de séquences nucléotidiques traduites en séquences de protéines.

❖tblastx, séquence nucléotidique traduite en séquence de protéine contre une base de données de séquences nucléotidiques traduites en séquences de protéines.

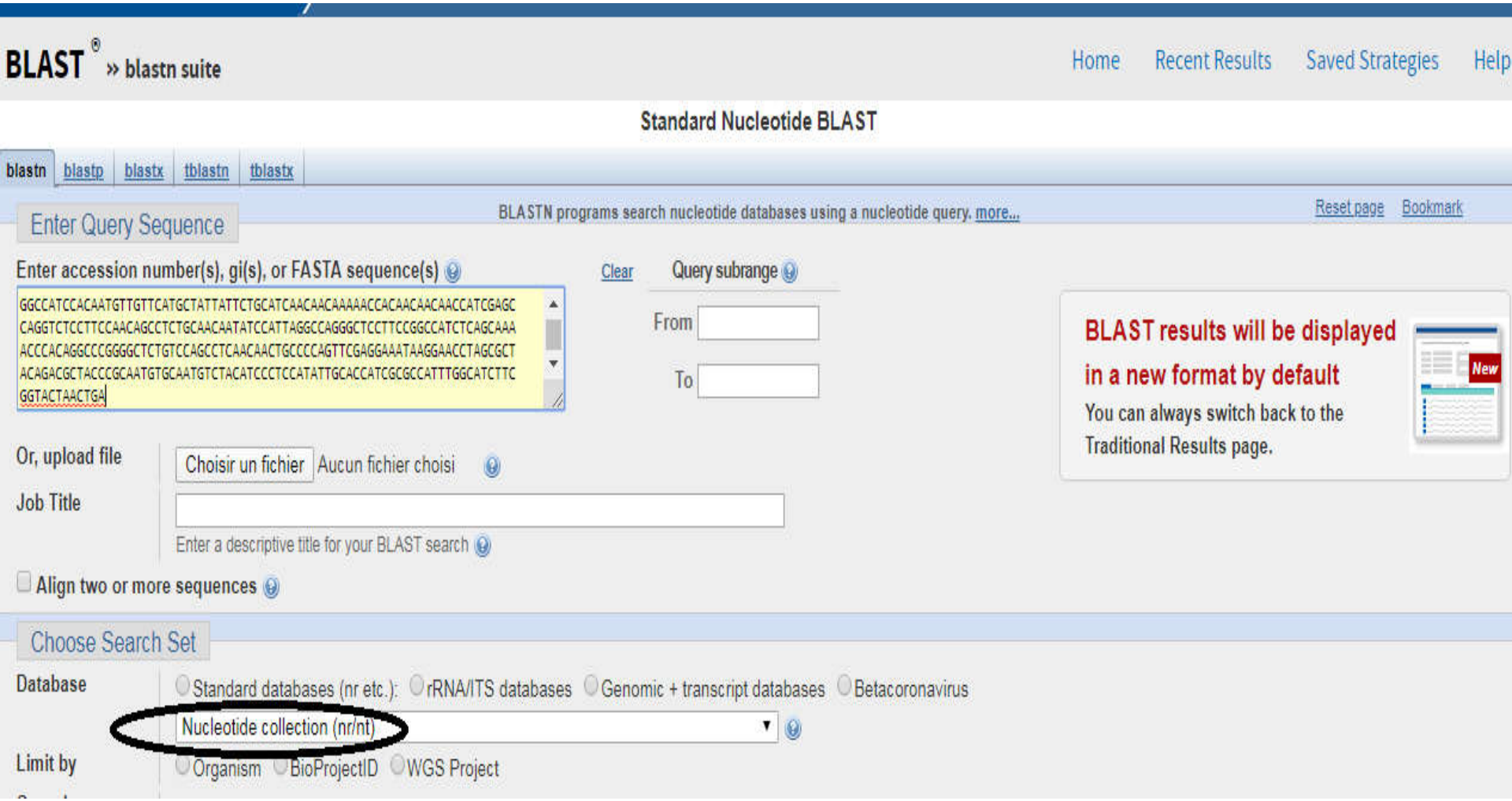
L'interface du logiciel BLAST
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/



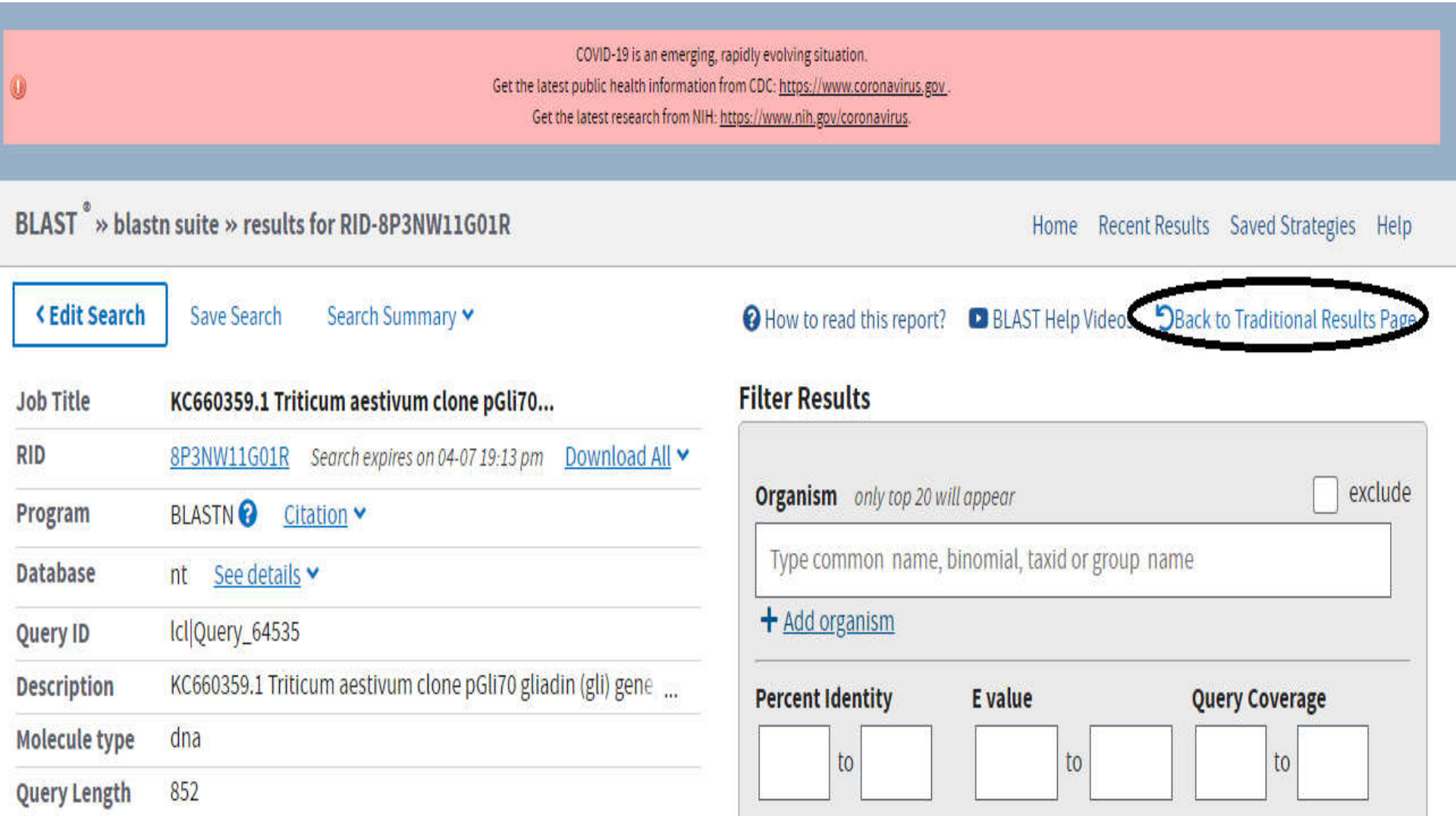
Cliquer ici pour choisir le Blast nucléique

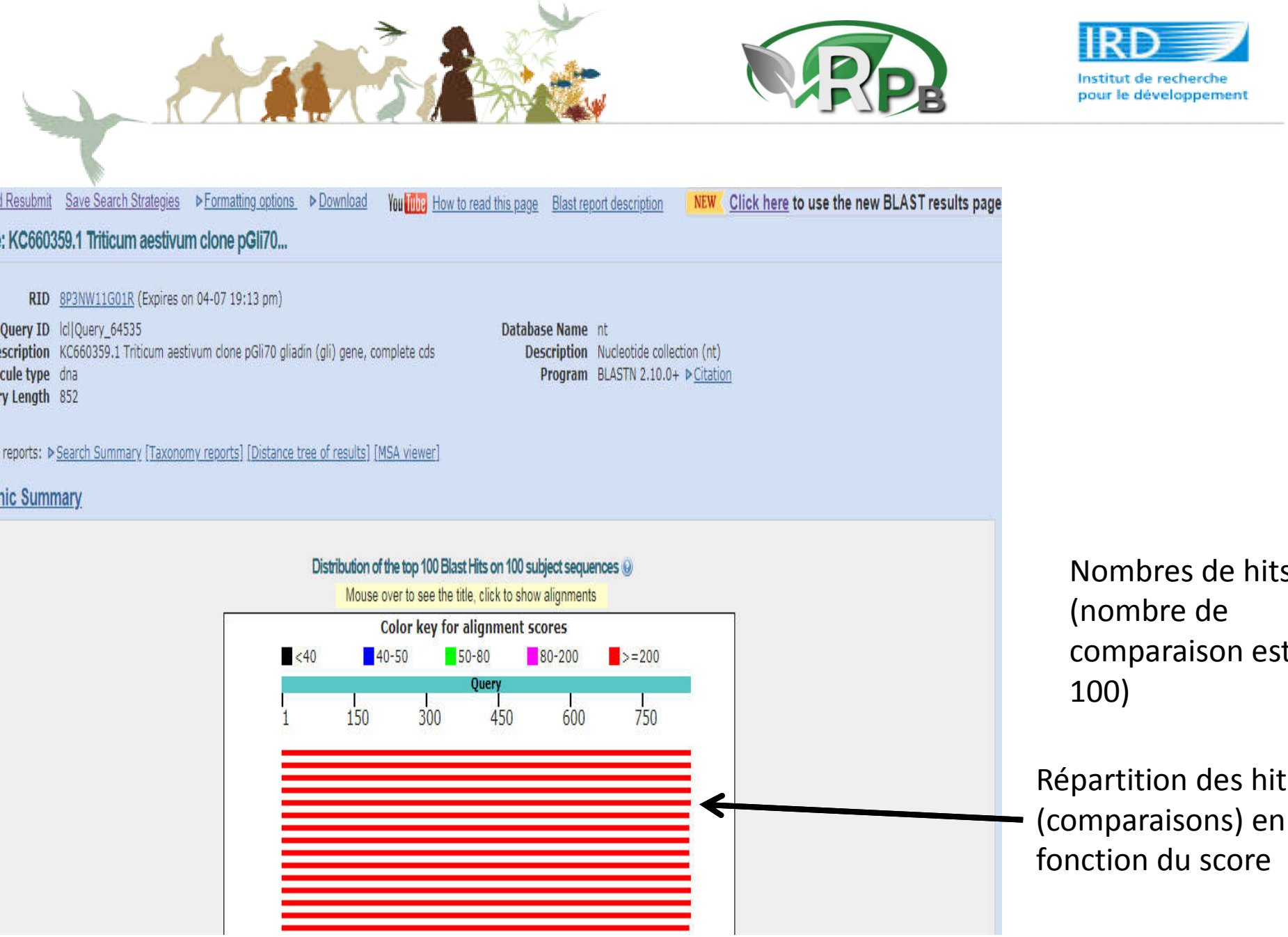
Cliquer ici pour choisir le Blast protéique

On entre la séquence à chercher



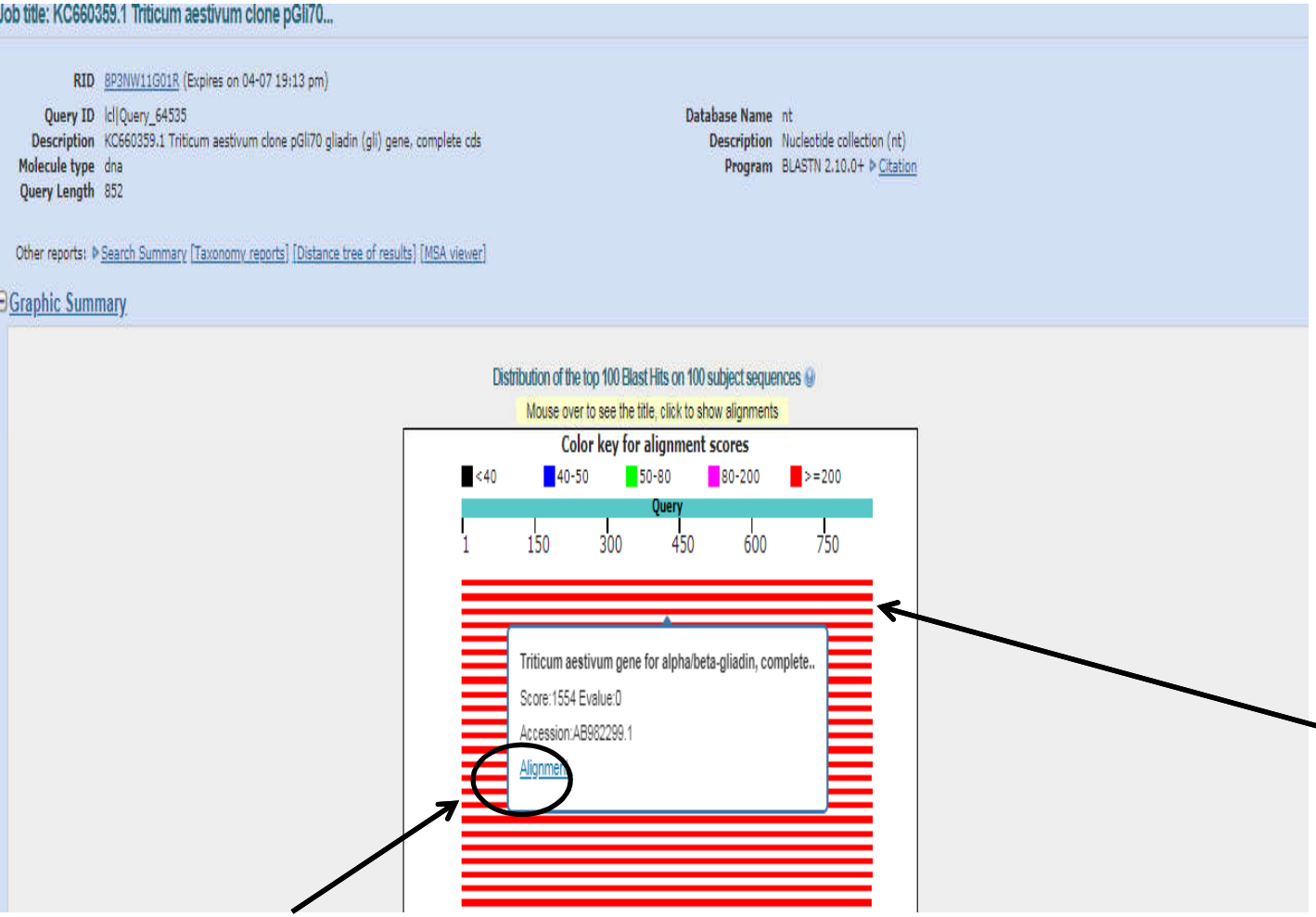
Cliquer sur ‘’Back to traditional page





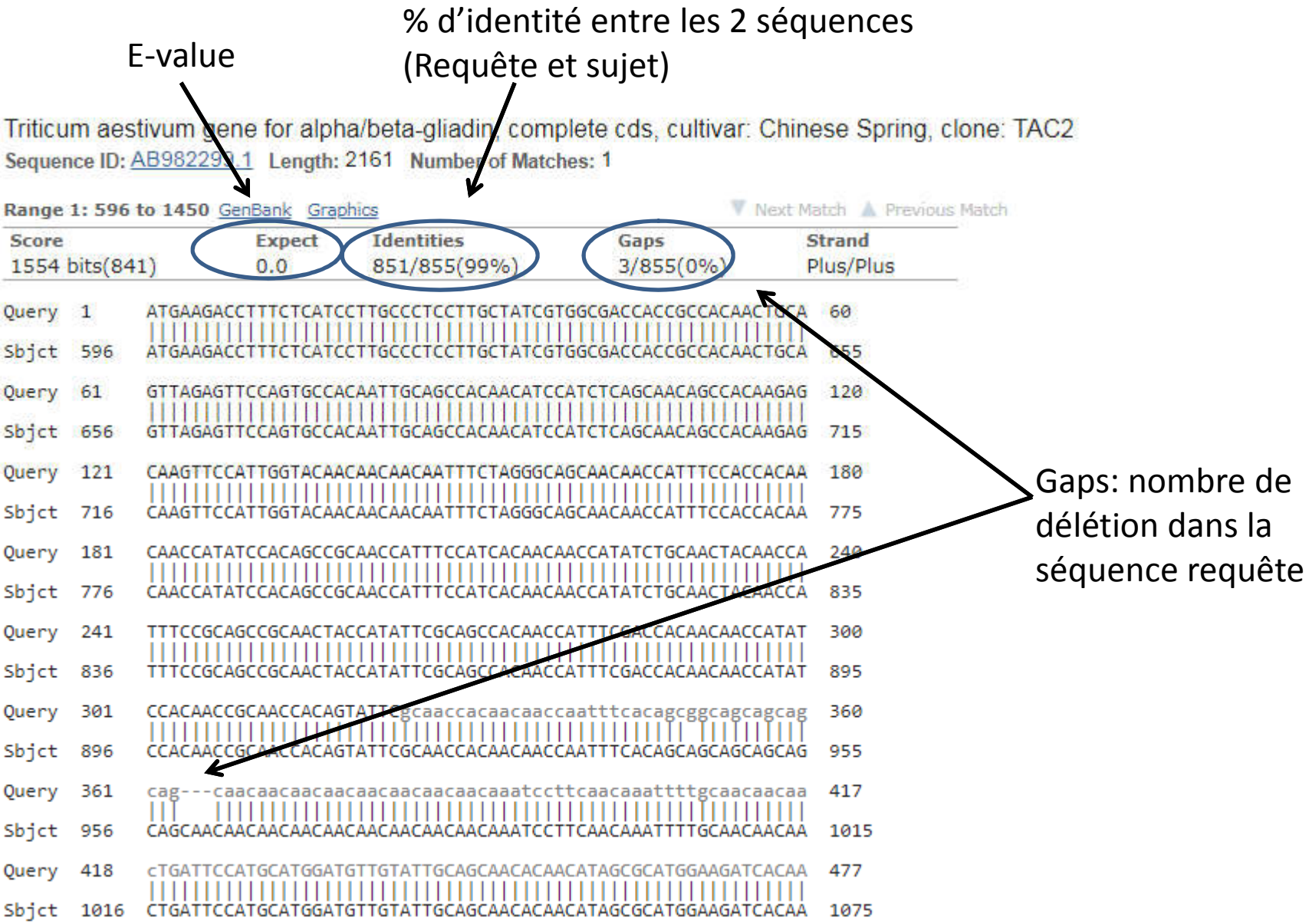
Nombres de hits (nombre de comparaison est = 100)

Répartition des hits (comparaisons) en fonction du score



1-Cliquez 2 fois sur la 3ème ligne rouge (chaque ligne correspond à une comparaison entre ma séquence et l'autre de la banque

2-Cliquez sur Alignment



Triticum aestivum gene for alpha/beta-gliadin, complete cds, cultivar: Chinese Spring, clone: TAC2

Sequence ID: AB982293.1 Length: 2161 Number of Matches: 1

Range 1: 596 to 1450 GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1554 bits(841)	0.0	851/855(99%)	3/855(0%)	Plus/Plus

```
Query  1     ATGAAGACCTTTCTCATCCTTGCCCTCCTTGCTATCGTGGCGACCACCGCCACAACTGCA  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  596   ATGAAGACCTTTCTCATCCTTGCCCTCCTTGCTATCGTGGCGACCACCGCCACAACTGCA  655

Query  61    GTTAGAGTTCCAGTGCCACAATTGCAGCCACAACATCCATCTCAGCAACAGCCACAAGAG  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  656   GTTAGAGTTCCAGTGCCACAATTGCAGCCACAACATCCATCTCAGCAACAGCCACAAGAG  715

Query  121   CAAGTTCCATTGGTACAACAACAACAATTTCTAGGGCAGCAACAACCATTTCCACCACAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  716   CAAGTTCCATTGGTACAACAACAACAATTTCTAGGGCAGCAACAACCATTTCCACCACAA  775

Query  181   CAACCATATCCACAGCCGCAACCATTTCCATCACAACAACCATATCTGCAACTACAACCA  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  776   CAACCATATCCACAGCCGCAACCATTTCCATCACAACAACCATATCTGCAACTACAACCA  835

Query  241   TTTCCGCAGCCGCAACTACCATATTCGCAGCCACAACCATTTCGACCACAACAACCATAT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  836   TTTCCGCAGCCGCAACTACCATATTCGCAGCCACAACCATTTCGACCACAACAACCATAT  895

Query  301   CCACAACCGCAACCACAGTATTCgcaaccacaacaaccaatttcacagcggcagcagcag  360
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  896   CCACAACCGCAACCACAGTATTCGCAACCACAACAACCAATTTCACAGCAGCAGCAGCAG  955

Query  361   cag---caacaacaacaacaacaacaacaaatccttcaacaaattttgcaacaacaa  417
             |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  956   CAGCAACAACAACAACAACAACAACAACAAATCCTTCAACAAATTTTGCAACAACAA  1015

Query  418   cTGATTCCATGCATGGATGTTGTATTGCAGCAACACAACATAGCGCATGGAAGATCACAA  477
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1016  CTGATTCCATGCATGGATGTTGTATTGCAGCAACACAACATAGCGCATGGAAGATCACAA  1075
```

Suite d'alignement (comparaison)

```
Query  418   cTGATTCCATGCATGGATGTTGTATTGCAGCAACACAACATAGCGCATGGAAGATCACAA  477
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1016  CTGATTCCATGCATGGATGTTGTATTGCAGCAACACAACATAGCGCATGGAAGATCACAA  1075

Query  478   GTTTTGCAACAAAGTACTTACCAGCTGTTACAAGAATTGTGTTGTCAGCACCTATGGCAG  537
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1076  GTTTTGCAACAAAGTACTTACCAGCTGTTACAAGAATTGTGTTGTCAGCACCTATGGCAG  1135

Query  538   ATCCCTGAGCAGTCGCAGTGCCAGGCCATCCACAATGTTGTTCATGCTATTATTCTGCAT  597
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1136  ATCCCTGAGCAGTCGCAGTGCCAGGCCATCCACAATGTTGTTCATGCTATTATTCTGCAT  1195

Query  598   CAACAACAAAAACCACAACAACAACCATCGAGCCAGGTCTCCTTCCAACAGCCTCTGCAA  657
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1196  CAACAACAAAAACCACAACAACAACCATCGAGCCAGGTCTCCTTCCAACAGCCTCTGCAA  1255

Query  658   CAATATCCATTAGGCCAGGGCTCCTTCCGGCCATCTCAGCAAAACCCACAGGCCCGGGGC  717
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1256  CAATATCCATTAGGCCAGGGCTCCTTCCGGCCATCTCAGCAAAACCCACAGGCCCGGGGC  1315

Query  718   TCTGTCCAGCCTCAACAACTGCCCCAGTTCGAGGAAATAAGGAACCTAGCGCTACAGACG  777
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1316  TCTGTCCAGCCTCAACAACTGCCCCAGTTCGAGGAAATAAGGAACCTAGCGCTACAGACG  1375

Query  778   CTACCCGCAATGTGCAATGTCTACATCCCTCCATATTGCACCATCGCGCCATTTGGCATC  837
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1376  CTACCCGCAATGTGCAATGTCTACATCCCTCCATATTGCACCATCGCGCCATTTGGCATC  1435

Query  838   TTCGGTACTAACTGA  852
             ||||||||||||||
Sbjct  1436  TTCGGTACTAACTGA  1450
```

La taille de notre séquence (Query: 852) et la taille de la séquence de la banque (Sbjet: 1450).

-Pour le Blast protein, on va suivre les même étapes précédentes que pour le Blast Nucleotide.
-Le résultat apparait est presque identique à celui du Blast nucleitide mais à la place des nucletides on utilise des acides aminés (AKWYTR…….) car les séquences à comparer sont des séquences protéiques.

alpha-gliadin protein [Triticum monococcum]

Sequence ID: AGI15866.1 **Length:** 285 **Number of Matches:** 1

Range 1: 1 to 285 GenPept Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
499 bits(1285)	3e-177	Compositional matrix adjust.	281/285(99%)	282/285(98%)	2/285(0%)

```
Query  1    MKTFLILALLAIVATTATTAVRVPVPQLQPQHPSQQQPQEQVPLVQQQQFLGQQQPFPPQ  60
            MKTFLILALLAIVATTATTAVRVPVPQLQPQHPSQQQPQEQVPLVQQQQFLGQQQPFPPQ
Sbjct  1    MKTFLILALLAIVATTATTAVRVPVPQLQPQHPSQQQPQEQVPLVQQQQFLGQQQPFPPQ  60

Query  61   QPYPQPQPFPSQQPYLQLQPFPQPQLPYSQPQPFRPQQPYPQPQPQYSQPQQPISQRQQQ  120
            QPYPQPQPFPSQQPYLQLQPFPQPQLPYSQPQPFRPQQPYPQPQPQYSQPQQPISQ+QQQ
Sbjct  61   QPYPQPQPFPSQQPYLQLQPFPQPQLPYSQPQPFRPQQPYPQPQPQYSQPQQPISQQQQQ  120

Query  121  QQQQQQQQQQ--ILQQILQQQLIPCMDVVLQQHNIAHGRSQVLQQSTYQLLQELCCQHLW  178
            QQQQQQQQQQ  ILQQILQQQLIPCMDVVLQQHNIAHGRSQVLQQSTYQLLQELCCQHLW
Sbjct  121  QQQQQQQQQQQQILQQILQQQLIPCMDVVLQQHNIAHGRSQVLQQSTYQLLQELCCQHLW  180

Query  179  QIPEQSQCQAIHNVVHAIILHQQQKPQQQPSSQVSFQQPLQQYPLGQGSFRPSQQNPQAR  238
            QIPEQSQCQAIHNVVHAII HQQQKPQQQPSSQVSFQQPLQQYPLGQGSFRPSQQNPQAR
Sbjct  181  QIPEQSQCQAIHNVVHAIIPHQQQKPQQQPSSQVSFQQPLQQYPLGQGSFRPSQQNPQAR  240

Query  239  GSVQPQQLPQFEEIRNLALQTLPAMCNVYIPPYCTIAPFGIFGTN  283
            GSVQPQQLPQFEEIRNLALQTLPAMCNVYIPPYCTIAPFGIFGTN
Sbjct  241  GSVQPQQLPQFEEIRNLALQTLPAMCNVYIPPYCTIAPFGIFGTN  285
```

C'est une confirmation des acides aminés et non une 3ème séquence

Interprétation des résultats

Les résultats d'un Blast sont en 4 parties :

1.Un schéma graphique : les meilleures résultats sont en rouge, suivis par les verts, les plus mauvais en bleu et noir)

2.La liste des meilleurs hits (liste de numéro d'accession cliquable), avec le E-value et le Bit score

- **Bit score** : mesure statistique de la validité de l'alignement : plus la valeur est élevée, plus les 2 séquences sont similaires. En-dessous de 50, le résultat n'est pas fiable.
- **E-value** : ?Expectation value? : estime la chance que vous auriez de trouver le même résultat par hasard. Plus la valeur est faible (proche de 0), meilleure est votre résultat. Au-dessus de 0.001, vos résultats ne sont pas bons.

3.**Alignements** : comparaison de votre séquence appelée (requête en français, query en anglais) avec la séquence la plus proche que Blast a trouvé appelée (Sujet, subject).