

Outil BLAST® du NCBI : Recherche de similarité entre séquences nucléotidiques (1/2).

BLAST® >> blastn suite Home Recent Results Saved Strategies Help

Standard Nucleotide BLAST

blastn blastp blastx tblastn tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. [more...](#) [Reset page](#) [Bookmark](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) Clear Query subrange

1 **2** **4**

Or, upload file Parcourir... Aucun fichier sélectionné.

Job Title **3**

Enter a descriptive title for your BLAST search

Align two or more sequences **5**

BLAST results will be displayed in a new format by default
You can always switch back to the Traditional Results page.

Choose Search Set

Database **6**

Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):
Nucleotide collection (nr/nt)

Organism **7**

Optional Enter organism name or id—completions will be suggested. exclude +
Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown.

Exclude Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Limit to Sequences from type material

Entrez Query [YouTube](#) [Create custom databases](#)

Program Selection

Optimize for **8**

Highly similar sequences (megablast)
More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
Somewhat similar sequences (blastn)
Choose a BLAST algorithm

9 **BLAST** Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Megablast (Optimize for highly similar sequences) **10**

Show results in a new window

◀ Fenêtre de recherche

1. Emplacement pour **coller une séquence** de nucléotides ou un numéro d'accès d'une séquence
2. Lien pour charger un **fichier de séquence** (fichiers .txt ou fichiers Anagène .edi utilisables)
3. Ajouter un **titre** à la recherche (*optionnel*)
4. **Sélectionner** seulement une partie de la séquence pour la recherche (*optionnel*)
5. À cocher pour **comparer plusieurs séquences** entre elles
6. Sélection de la **base de données** (*privilégier « nucleotide collection (nr/nt) »*)
7. Ne rechercher que pour certains **organismes** (ou exclure certains organismes) (*optionnel*)
8. Chercher des séquences « très semblables », « un peu différentes », « peu similaires »
9. **Lancer la recherche**
10. Afficher les résultats dans une **nouvelle fenêtre**.

[← Edit Search](#) [Save Search](#) [Search Summary](#)

Job Title **Nucleotide Sequence**

RID **W132MA0R014** Search expires on 11-06 03:38 am [Download All](#)

Program **BLASTN** [Citation](#)

Database **nt** [See details](#)

Query ID **lcl|Query_54345**

Description **None**

Molecule type **dna**

Query Length **1002**

Other reports [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)

Filter Results

Organism *only top 20 will appear* **B** exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[+ Add organism](#)

Percent Identity to E value to Query Coverage to

[Filter](#) [Reset](#)

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Manage Columns Show 100 **H**

select all 100 sequences selected [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens PTC bitter taste receptor (PTC) gene_PTC-taster allele_complete cds	1851	1851	100%	0.0	100.00%	AY258597.1
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens isolate SPWHosa bitter taste receptor TAS2R38 (TAS2R38) gene_complete cds	1847	1847	100%	0.0	99.90%	JQ272198.1
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens taste 2 receptor member 38 (TAS2R38) mRNA	1840	1840	100%	0.0	99.90%	NM_006817.5
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens BAC clone RP11-707F14 from 7 complete sequence	1840	1840	100%	0.0	99.80%	AC013847.9

Fenêtre de résultats

lcl|Query_54345

Vue schématique des alignements

Barre de zoom

Numéros d'accès des séquences: **survoler pour avoir les noms**

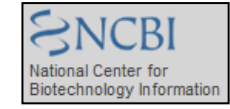
Différence observée

Query_54345: 1..1.0K (1,002 nt)

- A. Retourner à la **fenêtre de recherche**
- B. **Filterer les résultats** par organisme, groupe, pourcentage d'identité, etc.
- C. **Sélectionner / désélectionner** tous les résultats ou chaque résultat individuellement
- D. **Score d'alignement**
- E. Pourcentage de couverture de la séquence de recherche
- F. **Pourcentage d'identité** avec la séquence de recherche
- G. **Numéro d'accès** (fiche détaillée de la séquence avec références bibliographiques) (*voir au verso*)
- H. **Nombre de résultats** affichés par page
- I. **Affichage de l'alignement** des séquences sous forme graphique (schéma) (*voir ci-contre*)
- J. Calcul de l'**arbre de distance** des séquences observées (arbre phylogénétique) (*voir au verso*)

Outil BLAST® du NCBI : Recherche de similarité entre séquences nucléotidiques (2/2).

◀ **Arbre de distance**



Homo sapiens PTC bitter taste recep cds

[Fiche détaillée GenBank](#)

GenBank: AY258597.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to:

Affichage de la séquence
pour pouvoir la copier

Type et taille

Nom complet

Numéro d'accès GenBank

Organisme

Publication d'origine

Lien vers la publication

Propriétés
gène, ARNm, séquence codante (CDS), protéine, variants...

LOCUS AY258597 1002 bp D

DEFINITION Homo sapiens PTC bitter taste recept allele, complete cds.

ACCESSION AY258597

VERSION AY258597.1

KEYWORDS .

SOURCE Homo sapiens (human)

ORGANISM [Homo sapiens](#)
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Crania Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires Catarrhini; Hominidae; Homo.

REFERENCE 1 (bases 1 to 1002)

AUTHORS Kim,U.K., Jorgenson,E., Coon,H., Lep

TITLE Positional cloning of the human quan taste sensitivity to phenylthiocarba

JOURNAL Science 299 (5610), 1221-1225 (2003)

PUBMED [12595690](#)

REFERENCE 2 (bases 1 to 1002)

AUTHORS Kim,U.-K. and Drayna,D.T.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (17-MAR-2003) NIDCD, NIH, 20850, USA

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..1002 /organism="Homo sapiens"

1. Choix de la **méthode de calcul** de l'arbre : « minimum evolution » (construction d'un arbre qui minimise la longueur des branches (distance minimale)) ou « neighbor joining » (regroupe les séquences de proche en proche en fonction de la distance génétique)
2. Choix du **nom d'affichage** des séquences : numéro d'accès "ID", nom d'espèce, nom complet de la séquence...
3. Affichage en **plein écran**
4. Retour au **zoom normal**
5. Outils d'affichage. **Pour télécharger l'arbre** : « Tools > Download > PDF file »
6. Séquence utilisée pour la recherche (**requête**) en jaune (« query »)
7. **Distance génétique** (0.01 = 1%)

Outils BLAST complémentaires (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)

Web BLAST

Recherche de séquences nucléotidiques à partir de nucléotides

Recherche de protéines à partir de nucléotides

Recherche de nucléotides à partir de protéines

Recherche de protéines à partir de séquences protéiques