
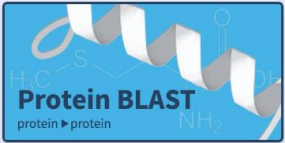


Fiche technique de BLAST Basic Local Alignment Search Tool

<p>BLAST est une application permettant de comparer une séquence de nucléotides ou d'acides aminés avec une banque de données de référence.</p> <p>La comparaison se fait sur des fragments de séquences (= « local ») plutôt que sur toute la séquence. La comparaison est rapide, précise et open sources.</p> <p>Permet :</p> <ul style="list-style-type: none"> - identifier une espèce - identifier des séquences inconnues - identifier des séquences homologues - trouver des allèles 	Résultats de la recherche			
<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;">  <p>Nucléotidique</p> </div> <div style="text-align: center;"> <p>Sélectionner le type de séquence</p> </div> <div style="text-align: center;">  <p>Protéique</p> </div> </div>	<div style="display: flex; justify-content: space-between; border-bottom: 1px solid black;"> Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy </div>			
<p>Etape 1 – Choisir la séquence à étudier</p> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; width: 60%;"> <p>Enter Query Sequence</p> <p>Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)</p> <p style="text-align: center; color: red; font-weight: bold;">Coller la séquence</p> </div> <div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; width: 35%;"> <p>Or, upload file</p> <p>Choisir un fichier Insuline_ADN.fasta</p> <p>Job Title</p> <p>Enter a descriptive title for your BLAST search</p> </div> </div>	Ensemble des résultats de la requête	Comparaion sous forme graphique	Montre l'alignement des séquence	Information concernant la classification
<p>Etape 2 – Choisir la banque de données pour la comparaison</p>	<div style="border: 1px solid gray; padding: 5px;"> <ul style="list-style-type: none"> <input checked="" type="checkbox"/> Phaeomonas parva gene for 18S rRNA, complete sequence <input checked="" type="checkbox"/> Phaeomonas parva 18S ribosomal RNA gene, partial sequence <input checked="" type="checkbox"/> Glossomastix chryso-plasta 18S ribosomal RNA gene, partial sequence <p style="text-align: center; margin-top: 20px; font-weight: bold;">Nom d'espèce et de genre de la séquence identifiée</p> </div>			
<p>Type de séquences</p> <p style="color: red; font-weight: bold;">Indiquer le groupe dans lequel vous souhaitez faire la recherche</p> <div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; margin-top: 5px;"> <p>Choose Search Set</p> <p>Database: <input checked="" type="radio"/> Standard databases (nr etc.): <input type="radio"/> rRNA/ITS databases <input type="radio"/> Genomic + transcript databases</p> <p>Nucleotide collection (nr/nt)</p> <p>Organism: <input type="text"/> <input type="checkbox"/> exclude</p> </div>	<div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; text-align: center;"> <p>Query Cover</p> </div>	Pourcentage d'alignement réalisé par Blast		
<p>Etape 3 – Choisir des paramètres (optionnel)</p>	<div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; text-align: center;"> <p>E</p> <p>value</p> </div>	Expected value : mesure la probabilité que la séquence soit alignée au hasard avec une espèce de la banque de données		
<p>Etape 4 - Définir la précision de la comparaison (si nécessaire)</p> <p>Séquences très similaires Séquences moins similaires Séquences un peu similaires</p> <div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; margin-top: 5px;"> <p>Program Selection</p> <p>Optimize for</p> <p><input type="radio"/> Highly similar sequences (megablast)</p> <p><input type="radio"/> More dissimilar sequences (discontiguous megablast)</p> <p><input checked="" type="radio"/> Somewhat similar sequences (blastn)</p> <p>Choose a BLAST algorithm</p> </div>	<div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; text-align: center;"> <p>Per.</p> <p>Ident</p> </div>	Pourcentage d'identité entre la séquence étudiée et la séquence de la banque de données		
<p>Etape – Lancer la requête</p> <div style="border: 1px solid gray; padding: 5px; margin-top: 5px;"> <p style="text-align: center; border: 2px solid red; border-radius: 50%; padding: 5px; display: inline-block;">BLAST</p> <p style="margin-left: 20px;">Search database Nucleotide collection</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Show results in a new window</p> </div>				