

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 [?](#)

 From To

Or, upload file No file chosen [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Align two or more sequences [?](#)

Choose Search Set

Database Standard databases (nr etc.) rRNA/ITS databases Genomic + transcript databases Betacoronavirus Experimental databases

Core nucleotide database **NEW** [more...](#)

Nucleotide collection (nr/nt) [?](#)

Organism 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 database](#)

Enter an Entrez query to limit search [?](#)

Program Selection

Optimize for Highly similar sequences (megablast)

More dissimilar sequences (discontiguous megablast)

Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm [?](#)

Search database nt using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

Show results in a new window

1. Copier la séquence d'ADN ici

2. Cliquer sur « BLAST »

Capture d'écran 1

1. Les espèces de la base de données se rapprochant le plus de la séquence cherchée

2. Des indicateurs de qualité de la ressemblance.

3. Cliquez sur une espèce pour voir l'alignement exact

The screenshot shows a BLAST search interface. At the top, there are navigation links like 'Edit Search', 'Save Search', and 'Search Summary'. Below that, search parameters are listed: Job Title (Nucleotide Sequence), RID (AYJK29XG013), Program (BLASTN), and Database (nt). A 'Filter Results' panel is visible on the right, with fields for Organism, Percent Identity, and E value. Below the filter panel, there are tabs for 'Descriptions', 'Graphic Summary', 'Alignments', and 'Taxonomy'. The main content area is titled 'Sequences producing significant alignments' and contains a table with columns for Description, Scientific Name, Max Score, Total Score, Query Cover, E value, Per. Ident, Acc. Len, and Accession. The table lists four sequences, with the first two being Gadus morhua and Gadus macrocephalus. Red arrows point from the text annotations to the search parameters, the filter results section, and a row in the table.




Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Gadus morhua genome assembly_chromosome: 12	Gadus morhua	134	134	100%	4e-27	97.44%	30948897	LR633954.1
<input checked="" type="checkbox"/> Gadus macrocephalus isolate Gmac_GOA_2020 chromosome: 12	Gadus macrocephalus	128	128	100%	2e-25	96.15%	27587113	CP133536.1
<input checked="" type="checkbox"/> Gadus macrocephalus isolate Gmac_GOA_2020 chromosome: 12	Gadus macrocephalus	104	104	83%	3e-18	95.38%	27587113	CP133536.1
<input checked="" type="checkbox"/> Pollachius pollachius genome assembly_chromosome: 7	Pollachius pollachius	104	104	83%	3e-18	95.38%	27587113	CP133536.1

Capture d'écran 2

Version simple: séquences à identifier:

séquence 1	CTTTAGCATTCTGGCTGGATCTCA
séquence 2	CAAGGAGGAGATCCTGGTCAATTGGA
séquence 3	AGCGTCTTCCGTTGCTAAGCGACGTCACCGTCTTTG

séquences de référence:

espèce	gène	séquence de référence
 Morue du Pacifique	gène 1	AGCCCCTCAACACCCAGAGCCTTTAGCATTCTGGCTGGATCTCATCAATCCCTGGGG
	gène 2	AGGACGAGAAGATGAGCAAGGAGGAGATTCTGGTCAATTGGAACATGTTTGTGGGGAGCC
	gène 3	ACCCAGCGTCTTTGGTTGCTAAGCGACGTCACCGTCTTTGGCGGACCA
 Flet commun ou flet d'Europe	gène 1	AGCCCCTCAACACCCAGAGCCTTTAGCATTCTGGCCGGATCTCATCAGTCCCTGGGG
	gène 2	AGGATGAGAAAATAACCAAGAAGGAGATTCTGGCCAACTGGAACATGTTTGTGGGCAGCC
 Colin d'Alaska	gène 1	AGCCCCTCAACACCCAGAGCCTCTAGCATTCTGGCTGGATCTCATCAATCCCTGGGG
	gène 2	AGGACGAGAAGATGAGCAAGGAGGAGATCCTGGTCAATTGGAACATGTTTGTGGGGAGCC
	gène 3	TCCCAGCGTCTTCCGTTGCTAAGCGACGTCACCGTCTTTGCGGACAAATTATTTCCCTGC

Réponses

La séquence 1 s'aligne le mieux avec le gène 1 de la morue du Pacifique :

FLET_COMMUN_GENE1	A	G	C	C	C	T	C	A	A	C	A	C	C	C	A	G	A	G	C	C	T	T	T	A	G	C	A	T	T	T	C	T	G	G	C	C	G	G	A	T	C	T	C	A	T	C	A	G	T	C	C	C	T	G	G	C
COLIN_ALASKA_GENE1	A	G	C	C	C	T	C	A	A	C	A	C	C	C	A	G	A	G	C	C	T	C	T	A	G	C	A	T	T	T	C	T	G	G	C	T	G	G	A	T	C	T	C	A	T	C	A	A	T	C	C	C	T	G	G	C
SEQUENCE1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	T	T	A	G	C	A	T	T	T	C	T	G	G	C	T	G	G	A	T	C	T	C	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MORUE_PACIFIQUE_GENE1	A	G	C	C	C	T	C	A	A	C	A	C	C	C	A	G	A	G	C	C	T	T	T	A	G	C	A	T	T	T	C	T	G	G	C	T	G	G	A	T	C	T	C	A	T	C	A	A	T	C	C	C	T	G	G	C

Ce fragment d'ADN correspond à un gène utilisé par les globules blancs (cellules de l'immunité)

La séquence 2 s'aligne le mieux avec le gène 2 du colin d'Alaska :

FLET_COMMUN_GENE2	A	G	G	A	T	G	A	G	A	A	A	T	A	A	C	C	A	A	G	A	G	G	A	G	A	T	T	C	T	G	G	C	C	A	A	C	T	G	G	A	A	C	A	T	G	T	T	T	G	T	G	G	G	C	A	G	C	
MORUE_PACIFIQUE_GENE2	A	G	G	A	C	G	A	G	A	G	A	T	G	A	G	C	A	A	G	G	A	G	G	A	G	A	T	C	C	T	G	G	T	C	A	A	T	T	G	G	A	A	C	A	T	G	T	T	T	G	T	G	G	G	A	G	C	
SEQUENCE2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	A	A	G	G	A	G	G	A	G	A	T	C	C	T	G	G	T	C	A	A	T	T	G	G	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
COLIN_ALASKA_GENE2	A	G	G	A	C	G	A	G	A	G	A	T	G	A	G	C	A	A	G	G	A	G	A	G	A	T	C	C	T	G	G	T	C	A	A	T	T	G	G	A	A	C	A	T	G	T	T	T	G	T	G	G	G	A	G	C		

Ce fragment d'ADN est impliqué dans la fabrication du collagène dans les tendons.

La séquence 3 s'aligne le mieux avec le gène 3 du colin d'Alaska :

MORUE_PACIFIQUE_GENE3	A	C	C	C	A	G	C	G	T	C	T	T	T	G	G	T	T	G	C	T	A	A	G	C	G	A	C	G	T	C	A	A	C	C	G	T	C	T	T	T	G	G	C	G	G	A	C	C	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
SEQUENCE3	-	-	-	-	A	G	C	G	T	C	T	T	C	G	T	T	G	C	T	A	A	G	C	G	A	C	G	T	C	A	C	C	G	T	C	T	T	T	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
COLIN_ALASKA_GENE3	-	T	C	C	C	A	G	C	G	T	C	T	T	C	C	G	T	T	G	C	T	A	A	G	C	G	A	C	G	T	C	A	C	C	G	T	C	T	T	T	G	C	G	G	A	C	A	A	A	T	T	A	T	T	T	C	C	C	T	G	C

Ce fragment d'ADN sert à faire la "connexine" qui connecte les cellules entre elles par de petits tunnels, ce qui permet aux cellules de communiquer.