

Compte rendu

Initiation à la Bioinformatique

TP1

1.1. Exploration des banques de données biologiques

- Tous les champs du formulaire doivent être remplis ;
- Une fois que votre compte rendu est complété, sauvegardez le en appuyant sur "enregistrer" en haut à gauche de votre lecteur pdf (Veuillez changer le nom du fichier).

Date

Adresse électronique

Nom et Prénom

1-Accédez à la banque de données Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>):

2-Explorez l'interface du site:

2-1-Quel est le nom du portail
hébergeur?

2-2-Sur l'index du même portail, trouvez les services suivants:

2-2-1-BLAST (copiez ici son adresse
URL)

2-2-2-Dans la rubrique Domains & Structures, trouvez la banque de données spécialisée Conserved Domain Database (CDD)

Quel est sa Thématique

Copiez son Adresse URL ici

3-Revenez à l'interface de Genbank, utilisez la barre de recherche pour trouver l'entrée correspondant au numéro d'accès suivant :
NM_180994.2

3-1-En utilisant les données de l'entrée, complétez les informations suivantes:

Nom de la séquence

Nature de la séquence

Organisme

Date de la dernière mise à jour

Access codes dans [PubMed](#) de 02 Références bibliographiques citant cette séquence :

Référence 1

Référence 2

**Copiez la séquence écrite en format
Genbank ici:**

3-2-Convertissez le format vers FASTA

**Copiez la séquence écrite en format
FASTA ici:**

4-Dans Genbank, cherchez une séquence nucléique de votre choix:

4-1-Nom de la séquence

**4-2-Quels sont les mots clés utilisés pour
trouver cette séquence?**

**4-3-Copiez votre séquence sous format
FASTA ici**

5-Allez sur Uniprot (<http://www.uniprot.org/>), utilisez ce même *Acces Code* NM_180994.2 pour réaliser une recherche sur la banque:

6-Cherchez une séquence protéique de votre choix sur Uniprot

**6-1-Quel est le nom de la séquence que
vous avez choisi?**

6-2-Quels sont les mots clés utilisés pour trouver cette séquence?

6-3-En utilisant les données de l'entrée, remplissez les informations suivantes:

Numéro d'accès de la séquence

Organisme

Séquence (FASTA)

1.2. Les alignements

1-Alignement par paire

Réalisez un alignement par paire avec logiciel [EMBOSS Needle](#)

1-1-Aller sur Genbank et récupérer les 02 séquences ci dessous sous format Fasta:

Séquence 1: FJ536845.1

Séquence 2: JF909299.1

Nom de la séquence 1

Copiez la séquence brute ici

Nom de la séquence 2

Copiez la séquence brute ici

1-2-D'après le résultat de l'alignement,
quel est le pourcentage de similarité
entre les deux séquences?

2- Alignement multiple avec CLUSTAL OMEGA:

2-1-Allez à l'interface du logiciel: <http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

2-2-Alignez les séquences protéiques de l'enzyme de la RuBisCO (ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygénase), enzyme clé de la fixation du CO₂, chez différentes espèces végétales (Annexe 1) en utilisant les paramètres par défaut du logiciel.

2-3-Que remarquez vous concernant la conservation de la séquence de la RUBISCO chez ces espèces

3. Alignement d'une séquence à une banque avec [BLAST](#)

3.1. Allez à l'interface de BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)

3.2. En utilisant l'outil [Blastn](#), cherchez la séquence la plus proche dans Genbank de la séquence nucléique inconnue (seqX) suivante:

```
>seqX
TTATGCTTTGCATGATACCACTGGTGTGCGATAATTTGTTCTACATTGACAAGTTCCAAGTAAGGGAAGTAAAATAGAGGTCATAAACTTAT
TGTCTTTTTTATTTTTTCAAAAGCCATTCTAAAGGGCTTTCGTAATAACGAGTGACGAATGTAAAACCTTTATGATTTCAAAGAATAACCTCCA
AACGATTGAAAATTTATTTTATTTTAAATTTTATTTCTACCGACCCCAAGTTACCTGGAATTTGTTCTTTATGTACTTTATATAAGTATGATTTTG
TTAGACTTGGAATAATGTGTCATTATCTTATTTTGATATTATGAGTTGCTCATTCTTCTGCTGTGCAGACTTTTTGTCCTCTTCAAAGGAACG
AACAAGTGAAAAAATGTACGGTTGGTAGAGCATAGCCCCATCATAATAACAAGACTGCATACTAAAACACATATTATTAGGCCATGCTATT
GAGAGAAGCTAAGGATACATGTAACCTACGCTAGCTCTGCATTTTAAATTATTTTCGGAGGTTATAAGAAAGACAGACAGTGCGAAGAGACCG
ACGATGACAAATCAT
```

D'après les résultats de l'alignement, quel est le nom de la séquence la plus proche de seqX

Quel est le % d'identité entre les 2 séquences?

Remarques:

- Tous les champs doivent être remplis ;

- Une fois que votre compte rendu est complété, sauvegardez le en appuyant sur "enregistrer" en haut à gauche de votre lecteur pdf (Veuillez changer le nom du fichier).

