

Protocole : identification d'espèces par analyse de séquences d'ADN environnemental (ADNe)

Matériels d'expérience	Mes consignes de travail :
- 1 ordinateur - 1 navigateur internet	- Réaliser un travail propre, sérieux et appliqué / Respecter le protocole / Travailler en équipe. - Rédiger régulièrement le compte-rendu



Protocole Etape par Etape

- 1**
- **Allumer** l'ordinateur.
 - **Ouvrir** un navigateur internet.
 - **Rechercher** l'url : <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
 - **Accéder** au site.
 - **Logiciel BLAST**
- BLAST est un logiciel qui permet de comparer une séquence d'un ADN récolté dans un échantillon à une banque mondiale de données et d'identifier éventuellement l'espèce associée à l'échantillon.
- L'ADN, support de l'information génétique, correspond à l'assemblage dans un ordre précis d'un grand nombre de nucléotides (A – T – C – G).
- **Rédiger le compte-rendu** (Q1, Q2 et Q3).

- 2**
- **Cliquer** sur « Nucleotide BLAST »



- 3**
- Renseigner la séquence à déterminer de nucléotides issue d'un ADN inconnu, à identifier Dans la section *Enter Query Sequence*,
 - **Voir les séquences à déterminer en fin de protocole.**

- 4**
- Dans la section *Choose search set*, pour *Database*, Vérifier que *Standard Database (nr etc.)* est sélectionné.
 - Dans la section *Program Selection*, Sélectionner *Somewhat similar sequences (blastn)*.
 - Cliquer sur le signe + pour développer l'onglet *Algorithm parameters*.
 - Dans la section *General Parameters*,
- Pour *Max matches in a query range* Renseigner : **5**.
(BLAST affichera ainsi seulement les 5 meilleures correspondances par rapport à la séquence de nucléotides à identifier).

5

➤ Lancer BLAST.

BLAST

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

☐ Show results in a new window

6

➤ Lecture des Résultats.

- Les **résultats** correspondent aux **noms** des séquences trouvées dans la banque de données qui ressemblent à la séquence à déterminer.
- Les résultats sont classés du plus grand au plus petit pourcentage d'identité (ressemblance) entre la séquence inconnue et les séquences de la banque de données.
- Si le **pourcentage d'identité** est de :
 - 100 %, on peut confirmer l'identité de la séquence à déterminer.
 - Entre 85 et 100 %, on peut estimer avoir de forte ressemblances
 - Inférieure à 85 %, il ne peut être établi de ressemblance.

➤ Séquences de nucléotides inconnues à déterminer :✓ Séquence 1 :

TAGTTGGTGGAGCGATTTGTCTGGTTAATTCCGTTAACGAACGAGACCACAGGGTTTTATT
CTTTCTTTTATG

✓ Séquence 2 :

GAGCAGTGCCTCTCCTGGTGGACGGTTTCGTGGCTGGCCCCACGGCCGTGGCGACAGCG
CGCCGCAACTTCCCC

7

➤ Rédiger le **compte-rendu** (Q4).Compte-rendu

Identification d'espèces par analyse de
séquences d'ADN environnemental (ADNe)

• Apporter les informations suivantes :

1. **Indiquer** quelle méthode applique le logiciel BLAST.
2. **Préciser** l'utilité d'utiliser ce logiciel et comment il procède.
3. **Rappeler** la composition d'une molécule d'ADN.
4. **Indiquer** pour chaque séquence à déterminer :
 - Le nom scientifique (*Scientific name*) de l'espèce ayant le plus de ressemblance avec la séquence à déterminer,
 - Le pourcentage d'identité.