

FICHE METHODE – « Blaster » une séquence

La séquence d'ADN est l'enchaînement des nucléotides dans l'ADN. La suite de nucléotides forme un message qui correspond à l'information génétique. Ainsi, retrouver une séquence particulière dans une base de données scientifique permet de savoir quel est le rôle de la séquence que l'on étudie.

① Comment identifier un gène à partir d'une séquence d'ADN ?

Méthode

① Se connecter au site « Blast N »
https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&BLAST_SPEC=GeoBlast&PAGE_TYPE=BlastSearch

● **ATTENTION** : Le site est en anglais : c'est le site utilisé par tous les scientifiques dans le monde. Il comprend toutes les séquences connues et mises en commun par tous les chercheurs.

● Le site Blast N permet de retrouver des séquences de nucléotides (ADN et ARN) mais le site présente plusieurs onglets permettant de faire des recherches sur d'autres molécules, notamment les protéines avec blastp.

② Saisir (ou copier) la séquence que vous souhaitez identifier dans la base de données.

③ Cliquer sur « Blast » en bas de page (parfois non visible dans l'écran initial)

④ Lire la liste des résultats pour identifier : le gène possible, l'espèce dont elle est issue.

● Généralement, le nom d'espèce est en premier : c'est le nom latin du genre et de l'espèce. Ex : Homo (genre) sapiens (espèce) correspond à l'espèce humaine.

● Le site affiche un score de ressemblance mais il arrive souvent que le fragment d'ADN soit identifié dans des êtres vivants proches (ex : le chimpanzé et l'humain ont 98,5% de ressemblance ADN).

● Pour aller plus loin, on peut cliquer sur le lien dans la colonne « Accession », cela amène sur une page qui liste toutes les informations connues (chromosome et place sur le chromosome, noms des chercheurs qui ont publié la séquence, origine de la séquence...).

● Lorsqu'une séquence est notée « PREDICTED », cela signifie qu'elle n'a pas été réellement identifiée mais déduite d'un autre travail.

Exemple

① Aperçu du site BlastN

The screenshot shows the BLAST website interface. The 'Enter Query Sequence' section is visible, with a text input field for the query sequence. Below the input field, there are options for 'Or, upload file' and 'Job Title'. A red circle highlights the 'BLAST' button at the bottom of the page.

② & ③

This screenshot shows the 'Enter Query Sequence' section of the BLAST website. A red circle highlights the query sequence input field, which contains the sequence: CAAGCTGGCCATCGTGGCATTGCCTTCTCTGGATCTGGCTGCTGTGGACAGCCCCGCCCA. Another red circle highlights the 'BLAST' button at the bottom of the page.

④ Résultats de la recherche :

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover %	E value	Per Ident %	Acc. Len	Accession
Actus azaral holliensis LWS/MWS-29Y-1 pseudogene for red-green sensitive cone visual pigment_exp	Actus azaral bo	121	121	100%	9e-24	100.00%	710	AB081278.2
Homo sapiens opsin 1, medium wave sensitive (OPN1MW3), mRNA	Homo sapiens	121	121	100%	9e-24	100.00%	1239	NM_001330967.2
Homo sapiens opsin 1, long wave sensitive (OPN1LW), RefSeqGene on chromosome X	Homo sapiens	121	121	100%	9e-24	100.00%	21782	NG_009105.2
Actus lemurius griseimembra LWS/MWS-14Y gene for red-green sensitive cone visual pigment_comp	Actus griseima	121	121	100%	9e-24	100.00%	6287	AB081271.2
Homo sapiens genome assembly, chromosome_contig-39	Homo sapiens	121	242	100%	9e-24	100.00%	40071749	OZ15497.1
Homo sapiens chromosome X clone XXoa-27E1-2, XXoa-54C1-1, Gc-18D5 map, c28, complete seque	Homo sapiens	121	242	100%	9e-24	100.00%	97757	AC292482.2
Callithrix jacchus X-linked visual pigment opsin P558, gene, partial cds	Callithrix jacchus	121	121	100%	9e-24	100.00%	1592	AF065285.2
Actus lemurius griseimembra LWS/MWS-14X gene for red-green sensitive cone visual pigment_comp	Actus griseima	121	121	100%	9e-24	100.00%	6388	AB081265.2
Homo sapiens opsin 1, long wave sensitive (OPN1LW), mRNA	Homo sapiens	121	121	100%	9e-24	100.00%	1242	NM_020061.6
Homo sapiens genome assembly, chromosome_contig-2	Homo sapiens	121	242	100%	9e-24	100.00%	40072800	OZ115647.1
Homo sapiens BAC clone CH17-343M19 from chromosome X, complete sequence	Homo sapiens	121	242	100%	9e-24	100.00%	203114	AC245140.2
Actus azaral holliensis LWS/MWS-29X gene for red-green sensitive cone visual pigment, complete cds	Actus azaral bo	121	121	100%	9e-24	100.00%	6859	AB081277.2
Homo sapiens opsin 1, medium wave sensitive (OPN1MW), mRNA	Homo sapiens	121	121	100%	9e-24	100.00%	1996	NM_000513.2
Homo sapiens BAC clone CH17-128G5 from chromosome X, complete sequence	Homo sapiens	121	363	100%	9e-24	100.00%	187148	AC244097.3
PREDICTED: Actus nancyanae medium-wave sensitive opsin 1, LOC185707118, mRNA	Actus nancyanae	121	121	100%	9e-24	100.00%	3514	XM_012437929.2
Human colour-blind rhodopsin gene, exon 3	Homo sapiens	121	121	100%	9e-24	100.00%	170	X54705.1
Synthetic construct Homo sapiens clone IMAGE:100062239, MGC:198214, opsin 1 (cone pigments), me	synthetic const	121	121	100%	9e-24	100.00%	1156	BC156776.1
Homo sapiens genome assembly, chromosome_contig-9	Homo sapiens	121	242	100%	9e-24	100.00%	96026383	OZ105164.1

② Un exemple pour bien comprendre

EXERCICE – Séquence d'ADN et information génétique

On étudie les séquences d'ADN suivantes :

- 1- ATGGCTTGTAATTTTGTCTGTCAGGGTGATTTATTATCCCAAAGAGATTCAT
- 2- TGCTAACAGGGCAGTCAATCTAAGAAAATATCTTATTTATGGTATTTCTATTTAGTTA
- 3- CAAGCAAAACAAAAGCTTTTCTTTTCACTAACGTATATGATGCTTTTGAAGCTTTCCCTTT
- 4- ATGGTGACCTGACTCCTGAGGAGAAGTCTGCCGTTACTGCCCTGTGGGGCAAGGTGAAC

1. Donner le nom et la signification des 4 éléments présents dans cette molécule (A, T, C et G).

A =	
T =	
C =	
G =	
Ce sont des	

2. Ecrire la séquence du brin complémentaire de ce fragment d'ADN.

CAAGCTGGCCATCGTGGGCATTGCCTTCTCCTGGATCTGGGCTGCTGTGTGGACAGCCCCGCC

3. Utiliser le site "BlastN" pour identifier à quel être vivant appartient chaque fragment d'ADN.

Carotte	
Levure	
Humain	
Phalène du Bouleau	

4. Grâce à la recherche précédente, déterminer quel gène est étudié pour chaque séquence.

Glutaminyl cyclase	
HBB : hémoglobine bêta	
Phytoène synthase	
Invertase	

5. Grâce aux éléments précédents, identifier quelle est la fonction des différents gènes étudiés.

Enzyme dégradant le sucre	
Enzyme produisant un pigment orange	
Enzyme produisant un pigment noir	
Protéine transportant le dioxygène (O ₂)	