

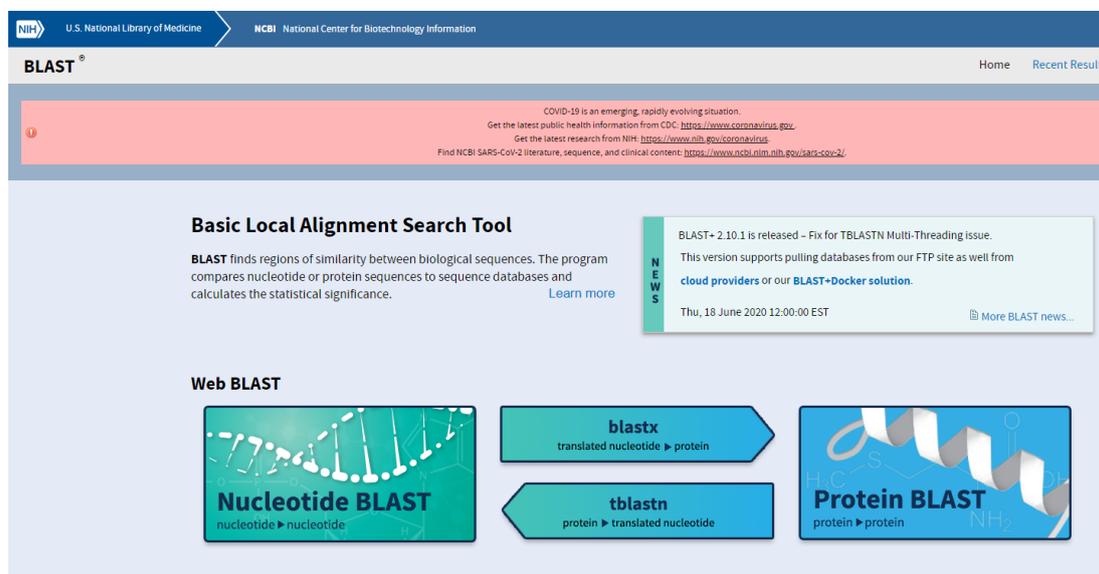
# Fiche technique du logiciel d'identification de l'ADN

Utiliser BLAST logiciel d'identification de séquences par comparaison avec des séquences déjà rencontrées

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

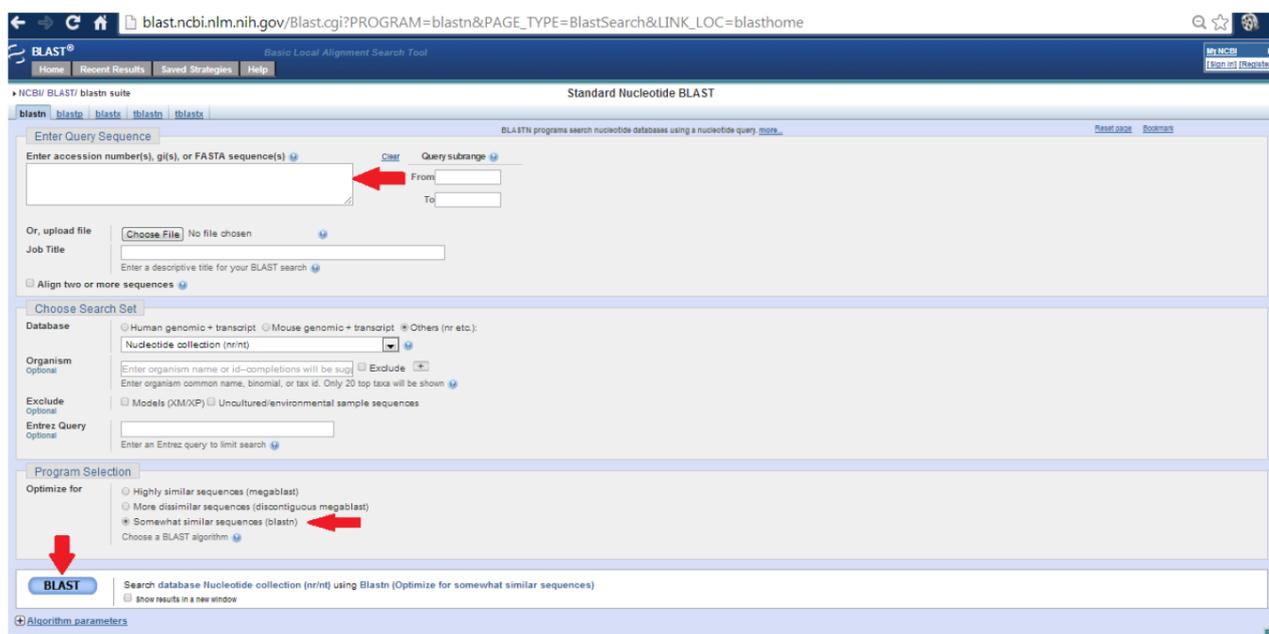
## Démarche d'analyse de séquences

- Sélectionner Nucléotide BLAST



Coller la séquence inconnue dans la case prévue à cet effet.

Appuyer sur « **somewhat similar sequences** » puis sur « **blast** » pour lancer la recherche / parfois un peu long



## Obtention de résultats

1- Les résultats sont les noms des séquences trouvées dans la base de données qui ressemblent à notre séquence inconnue : ils sont classés du plus grand au plus petit pourcentage de similitudes.

Si 100% d'identité, on peut confirmer l'identité de l'espèce inconnue. En dessous de 85%, on ne peut rien conclure.

The screenshot shows the BLAST search results for a query sequence of 1798 nucleotides. The top section includes the query ID (Ic|24071), database name (nr), and description (Nucleotide collection (nt)). Below this, there are links for 'Graphic Summary' and 'Descriptions'. The main part of the page is a table titled 'Sequences producing significant alignments:' with columns for 'Description', 'Max score', 'Total score', 'Query cover', 'E value', 'Ident', and 'Accession'. The first row in the table is highlighted, showing a 100% identity match with the accession number X57331.1. A red arrow points to the 'Graphic Summary' link, and another red arrow points to the 'Accession' column header.

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<a href="#">C. rosstratus 18S rRNA gene</a>	3232	3232	100%	0.0	100%	<a href="#">X57331.1</a>
<a href="#">Chaetoceros sp. p442 18S rRNA gene, clone p442</a>	2994	2994	100%	0.0	97%	<a href="#">AF535187.1</a>
<a href="#">Chaetoceros peruvianus strain ECT3821-Chaetoceros 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2892	2892	91%	0.0	99%	<a href="#">HQ317850.1</a>
<a href="#">Thalassiosira weissflogii strain T1 18S rRNA, partial sequence, clone DS9M-54</a>	2715	2715	93%	0.0	96%	<a href="#">AB272034.1</a>
<a href="#">Hemialus sinensis strain CCH-2 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2650	2650	91%	0.0	94%	<a href="#">HQ912824.1</a>
<a href="#">Brocchinella brockmannii strain CCMP151 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence babJC284T11.1; Brocchinella brockmannii strain HX340 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2646	2646	99%	0.0	92%	<a href="#">HQ912595.1</a>
<a href="#">Chaetoceros muelleri strain CGAP 1910/2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2640	2640	98%	0.0	92%	<a href="#">AY505056.1</a>
<a href="#">Chaetoceros californicus strain Iframer/Jranger 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2638	2638	98%	0.0	92%	<a href="#">CQ387758.1</a>
<a href="#">Chaetoceros parvulus strain UTEX LB 2375 18S ribosomal RNA gene, partial sequence babJF48999.1; Chaetoceros parvulus isolate Caranib/ 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2628	2628	99%	0.0	92%	<a href="#">AY672896.1</a>
<a href="#">Bidduphia indiana isolate ECT3502B/1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2629	2629	98%	0.0	92%	<a href="#">JX401233.1</a>
<a href="#">Aethya longicornis strain CCMP214 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2622	2622	99%	0.0	91%	<a href="#">AY485450.1</a>
<a href="#">Aethya longicornis strain CCMP 214 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2618	2618	99%	0.0	91%	<a href="#">JX401232.1</a>
<a href="#">Minutocella polymorpha strain CCMP497 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2618	2618	98%	0.0	92%	<a href="#">HQ912608.1</a>
<a href="#">Chaetoceros muelleri strain CCMP1316 18S ribosomal RNA gene, partial sequence babJF48999.1; Chaetoceros muelleri isolate Cmuller/1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2618	2618	98%	0.0	92%	<a href="#">AY485463.1</a>
<a href="#">Bidduphia alternans isolate ECT3889B/1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	2611	2611	97%	0.0	92%	<a href="#">JX401229.1</a>
<a href="#">Ditylisella cf. ditylis 18S rRNA gene, partial sequence</a>	2544	2544	100%	0.0	91%	<a href="#">VF6701.1</a>

2- Cliquer sur **Accession** au bout de la ligne correspondant à l'espèce trouvée  
Vous trouverez ainsi son nom et sa classification

3- Aller sur le site suivant et regarder la vidéo descriptive de certains spécimens

<http://planktonchronicles.org/fr/episodes/>

ou

Chercher sur un moteur de recherche le milieu de vie / taxonomie de l'espèce trouvée