

# BLAST.Basic Local Alignment Search Tool

## Qué es BLAST?

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) es un programa bioinformático de alineamiento de secuencias biológicas, ya sea de ADN, ARN o de proteínas, comparando una secuencia problema con múltiples secuencias dentro de una base de datos.

### blastn.

**blastn** - Herramienta para alineamiento de secuencias de nucleótidos

1. **Descargar la base de datos de nucleótidos**  
`wget`  
`ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/yeast.nt.gz`
2. **Descomprimir el archivo \*.nt.gz**  
`gunzip yeast.nt.gz`
3. **Formatear la base de datos con formatdb**  
`formatdb -i yeast.nt -p F -o T`
4. **Ejecutar el alineamiento con blastn**

```
blastall -p blastn -d yeast.nt -i input.fasta  
-o result.out
```

### blastp.

**blastn** - Herramienta para alineamiento de secuencias de aminoácidos.

1. **Descargar la base de datos de aminoácidos**  
`wget`  
`ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/yeast.aa.gz`
2. **Descomprimir el archivo \*.aa.gz**  
`gunzip yeast.aa.gz`
3. **Formatear la base de datos con formatdb**  
`formatdb -i yeast.aa -p T -o T`
4. **Ejecutar el alineamiento con blastp**  
`blastall -p blastp -d yeast.aa -i input.fasta -T T`  
`-o result.out`

### blastx.

**blastx** - Búsqueda de secuencias de proteínas a partir de secuencias de nucleótidos.

1. **A partir del archivo \*.nt , formatear la base de datos con formatdb**  
`formatdb -i yeast.nt -p F -o T`
2. **Ejecutar el alineamiento con blastx**  
`blastall -p blastx -d yeast.nt -i input.fasta -T T`  
`-o result.html`

## Recursos

FTP Blast DataBase [FTP NCBI Database](#)  
Documentation for **formatdb** options [Options for formatdb tool](#)

---

José Manuel S, <http://github.com/J0MS/>